



⑯ BUNDESREPUBLIK  
DEUTSCHLAND



DEUTSCHES  
PATENT- UND  
MARKENAMT

⑯ Offenlegungsschrift  
⑯ DE 198 18 620 A 1

⑯ Int. Cl.<sup>6</sup>:  
**C 07 K 16/00**

C 07 K 14/435  
A 61 K 38/17  
C 07 H 21/04  
C 12 N 15/11  
C 12 N 15/63  
C 12 N 1/21  
C 12 N 1/19  
C 12 N 5/10  
// (C12N 1/21,C12R  
1:19)G01N 33/68,  
33/15

DE 198 18 620 A 1

⑯ Aktenzeichen: 198 18 620.7  
⑯ Anmeldetag: 21. 4. 98  
⑯ Offenlegungstag: 28. 10. 99

⑯ Anmelder:

metaGen Gesellschaft für Genomforschung mbH,  
14195 Berlin, DE

⑯ Vertreter:

Klose, W., Dipl.-Chem.Dr.rer.nat., Pat.-Ass., 13505  
Berlin

⑯ Erfinder:

Rosenthal, André, Prof. Dr., 10115 Berlin, DE;  
Specht, Thomas, Dr., 12163 Berlin, DE; Hinzmann,  
Bernd, Dr., 13127 Berlin, DE; Schmitt, Armin, Dr.,  
14197 Berlin, DE; Pilarsky, Christian, Dr., 14532  
Stahnsdorf, DE; Dahl, Edgar, Dr., 14480 Potsdam,  
DE

**Die folgenden Angaben sind den vom Anmelder eingereichten Unterlagen entnommen**

- ⑯ Menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blase-Normal  
⑯ Es werden menschliche Nukleinsäuresequenzen - mRNA, cDNA, genomische Sequenzen - aus Blasennormalgewebe, die für die Genprodukte oder Teile davon kodieren, und deren Verwendung beschrieben.  
Es werden weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung beschrieben.

DE 198 18 620 A 1

# DE 198 18 620 A 1

## Beschreibung

Die Erfindung betrifft menschliche Nukleinsäuresequenzen aus Blasennormalgewebe, die für Genprodukte oder Teile davon kodieren, deren funktionale Gene, die mindestens ein biologisch aktives Polypeptid kodieren und deren Verwendung.

5 Die Erfindung betrifft weiterhin die über die Sequenzen erhältlichen Polypeptide und deren Verwendung.

Eine der Hauptkrebstodesursachen ist der Blasentumor, für dessen Bekämpfung neue Therapien notwendig sind. Bis-her verwendete Therapien, wie z. B. Chemotherapie, Hormontherapie oder chirurgische Entfernung des Tumorgewebes, führen häufig nicht zu einer vollständigen Heilung.

10 Das Phänomen Krebs geht häufig einher mit der Über- oder Unterexpression gewisser Gene in den entarteten Zellen, wobei noch unklar ist, ob diese veränderten Expressionsraten Ursache oder Folge der malignen Transformation sind. Die Identifikation solcher Gene wäre ein wesentlicher Schritt für die Entwicklung neuer Therapien gegen Krebs. Der spontanen Entstehung von Krebs geht häufig eine Vielzahl von Mutationen voraus. Diese können verschiedenste Auswirkungen auf das Expressionsmuster in dem betroffenen Gewebe haben, wie z. B. Unter- oder Überexpression, aber auch Expression verkürzter Gene. Mehrere solcher Veränderungen durch solche Mutationskaskaden können schließlich zu bös- artigen Entartungen führen. Die Komplexität solcher Zusammenhänge erschwert die experimentelle Herangehensweise sehr.

15 Für die Suche nach Kandidatengenen, d. h. Genen, die im Vergleich zum Tumorgewebe im normalen Gewebe stärker exprimiert werden, wird eine Datenbank verwendet, die aus sogenannten ESTs besteht. ESTs (Expressed Sequence Tags) sind Sequenzen von cDNAs, d. h. revers transkribierten mRNAs, den Molekülen also, die die Expression von Genen wi- 20 derspiegeln. Die EST-Sequenzen werden für normale und entartete Gewebe ermittelt. Solche Datenbanken werden von verschiedenen Betreibern z. T. kommerziell angeboten. Die ESTs der LifeSeq-Datenbank, die hier verwendet wird, sind in der Regel zwischen 150 und 350 Nukleotide lang. Sie repräsentieren ein für ein bestimmtes Gen unverkennbares Mu- 25 ster, obwohl dieses Gen normalerweise sehr viel länger ist (> 2000 Nukleotide). Durch Vergleich der Expressionsmuster von normalen und Tumorgewebe können ESTs identifiziert werden, die für die Tumorentstehung und -proliferation wichtig sind. Es besteht jedoch folgendes Problem: Da durch unterschiedliche Konstruktionen der cDNA-Bibliotheken die gefundenen EST-Sequenzen zu unterschiedlichen Regionen eines unbekannten Gens gehören können, ergäbe sich in einem solchen Fall ein völlig falsches Verhältnis des Vorkommens dieser ESTs in dem jeweiligen Gewebe. Dieses würde erst bemerkt werden, wenn das vollständige Gen bekannt ist und somit die ESTs dem gleichen Gen zugeordnet werden 30 können.

35 Es wurde nun gefunden, daß diese Fehlermöglichkeit verringert werden kann, wenn zuvor sämtliche ESTs aus dem je- weiligen Gewebstyp assembliert werden, bevor die Expressionsmuster miteinander verglichen werden. Es wurden also überlappende ESTs ein und desselben Gens zu längeren Sequenzen zusammengefaßt (s. Fig. 1, Fig. 2a und Fig. 3). Durch diese Verlängerung und damit Abdeckung eines wesentlich größeren Genbereichs in jeder der jeweiligen Banken sollte der oben beschriebene Fehler weitgehend vermieden werden. Da es hierzu keine bestehenden Softwareprodukte gab, wurden Programme für das Assemblieren von genomischen Abschnitten verwendet, die abgewandelt eingesetzt und durch eigene Programme ergänzt wurden. Ein Flowchart der Assemblierungsprozedur ist in Fig. 2b1-2b4 dargestellt.

40 Es konnten nun die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1-127 gefunden werden, die als Kandidatengene beim Blasentumor eine Rolle spielen.

45 Von besonderem Interesse sind die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID Nos. 24-127.

Die Erfindung betrifft somit Nukleinsäure-Sequenzen, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodieren, umfassend

50 a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe der Nukleinsäure-Sequenzen Seq ID Nos. 24-127.

b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen

oder

c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.

55 Die Erfindung betrifft weiterhin eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 24-127 oder eine komplementäre oder allelische Variante davon und die Nukleinsäure-Sequenzen davon, die eine 90%ige bis 95%ige Ho- mologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweisen.

60 Die Erfindung betrifft auch die Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, die im Blasennormalge- webe erhöht exprimiert sind.

65 Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, umfassend einen Teil der oben genannten Nukleinsäure-Se- quenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen Seq. ID Nos. 1-127 hybridisieren.

70 Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen weisen im allgemeinen eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp, vorzugsweise eine Länge von mindestens 150 bis 4000 bp, insbesondere eine Länge von 450 bis 3500 bp auf.

Mit den erfindungsgemäßen Teilsequenzen Seq. ID Nos. 1-127 können gemäß gängiger Verfahrenspraxis auch Expressionskassetten konstruiert werden, wobei auf der Kassette mindestens eine der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Se- quenzen zusammen mit mindestens einer dem Fachmann allgemein bekannten Kontroll- oder regulatorischen Sequenz, 75 wie z. B. einem geeigneten Promotor, kombiniert wird. Die erfindungsgemäßen Sequenzen können in sense oder anti- sense Orientierung eingefügt sein.

In der Literatur sind eine große Anzahl von Expressionskassetten bzw. Vektoren und Promotoren bekannt, die ver- wendet werden können.

80 Unter Expressionskassetten bzw. Vektoren sind zu verstehen: 1. bakterielle, wie z. B., phagescript, pBs, φX174, pBlu- script SK, pBs KS, pNH8a, pNH16a, pNH18a, pNH46a (Stratagene), pTrc99A, pKK223-3, pKK233-3, pDR540, pRITS (Pharmacia), 2. eukaryontische, wie z. B. pWLneo, pSV2cat, pOG44, pXT1, pSG (Stratagene), pSVK3, pBPV, pMSG, pSVL (Pharmacia).

Unter Kontroll- oder regulatorischer Sequenz sind geeignete Promotoren zu verstehen. Hierbei sind zwei bevorzugte

# DE 198 18 620 A 1

Vektoren der pKK232-8 und der PCM7 Vektor. Im einzelnen sind folgende Promotoren gemeint: lacI, lacZ, T3, T7, gpt, lambda Pr<sub>R</sub>, trc, CMV, HSV Thymidin-Kinase, SV40, LTRs aus Retrovirus und Maus Metallothionein-I.

Die auf der Expressionskassette befindlichen DNA-Sequenzen können ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.

Die Expressionskassetten sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Fragmente können zur Herstellung von Vollängen-Genen verwendet werden. Die erhältlichen Gene sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, sowie die aus der Verwendung erhältlichen Gen-Fragmente.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können mit geeigneten Vektoren in Wirtszellen gebracht werden, in denen als heterologer Teil die auf den Nukleinsäure-Fragmenten enthaltene genetische Information befindet, die exprimiert wird.

Die die Nukleinsäure-Fragmente enthaltenden Wirtszellen sind ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

Geeignete Wirtszellen sind z. B. prokaryontische Zellsysteme wie E. coli oder eukaryontische Zellsysteme wie tierische oder humane Zellen oder Hefen.

Die erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können in sense oder antisense Form verwendet werden.

Die Herstellung der Polypeptide oder deren Fragment erfolgt durch Kultivierung der Wirtszellen gemäß gängiger Kultivierungsmethoden und anschließender Isolierung und Aufreinigung der Peptide bzw. Fragmente, ebenfalls mittels gängiger Verfahren. Die Erfindung betrifft ferner Nukleinsäure-Sequenzen, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodieren.

Ferner betrifft die vorliegende Erfindung Polypeptid-Teilsequenzen, sogenannte ORF (open-reading-frame)-Peptide, gemäß den Sequenzprotokollen ORF ID Nos. 128-390.

Die Erfindung betrifft ferner die Polypeptid-Sequenzen, die mindestens eine 80%ige Homologie, insbesondere eine 90%ige Homologie zu den erfindungsgemäßen Polypeptid-Teilsequenzen der ORF ID Nos. 128-390 aufweisen.

Die Erfindung betrifft auch Antikörper, die gegen ein Polypeptid oder Fragment davon gerichtet sind, welche von den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID 127 kodiert werden.

Unter Antikörper sind insbesondere monoklonale und Phage-Display-Antikörper zu verstehen.

Die erfindungsgemäßen Polypeptide der Sequenzen ORF ID Nos. 128-390 können auch als Tool zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden, was ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist.

Ebenfalls Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist die Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1-127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können.

Die Erfindung betrifft auch die Verwendung der gefundenen Polypeptid-Teilsequenzen ORF ID No. 128-390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung gegen den Blasentumor, bzw. zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor.

Die Erfindung betrifft auch Arzneimittel, die mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz ORF ID No. 128-390 enthalten.

Die gefundenen erfindungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen können auch genetische oder mRNA-Sequenzen sein.

Die Erfindung betrifft auch genetische Gene, ihre Exon- und Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1-127, sowie deren Verwendung zusammen mit geeigneten regulativen Elementen, wie geeigneten Promotoren und/oder Enhancern.

Mit den erfindungsgemäßen Nukleinsäuren (cDNA-Sequenzen) Seq. ID. No. 1-127 werden genetische BAC-, PAC- und Cosmid-Bibliotheken gescreent und über komplementäre Basenpaarung (Hybridisierung) spezifisch humane Klone isoliert. Die so isolierten BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden mit Hilfe der Fluoreszenz-in-situ-Hybridisation auf Metaphasenchromosomen hybridisiert und entsprechende Chromosomenabschnitte identifiziert, auf denen die entsprechenden genetischen Gene liegen. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone werden sequenziert, um die entsprechenden genetischen Gene in ihrer vollständigen Struktur (Promotoren, Enhancer, Silencer, Exons und Introns) aufzuklären. BAC-, PAC- und Cosmid-Klone können als eigenständige Moleküle für den Gentransfer eingesetzt werden (s. Fig. 5).

Die Erfindung betrifft auch BAC-, PAC- und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.

## Bedeutungen von Fachbegriffen und Abkürzungen

Nukleinsäuren = Unter Nukleinsäuren sind in der vorliegenden Erfindung zu verstehen: mRNA, partielle cDNA, vollängen cDNA und genetische Gene (Chromosomen).

ORF = Open Reading Frame, eine definierte Abfolge von Aminosäuren, die von der cDNA-Sequenz abgeleitet werden kann.

Contig = eine Menge von DNA-Sequenzen, die aufgrund sehr großer Ähnlichkeiten zu einer Sequenz zusammengefaßt werden können (Consensus).

Singleton = ein Contig, der nur eine Sequenz enthält

## Erklärung zu den Alignmentparametern

minimal initial match = minimaler anfänglicher Identitätsbereich

maximum pads per read = maximale Anzahl von Insertionen

maximum percent mismatch = maximale Abweichung in %

# DE 198 18 620 A 1

## Erklärung der Abbildungen

- 5      **Fig. 1** zeigt die systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank.  
Fig. 2a zeigt das Prinzip der EST-Assemblierung  
Fig. 2b1–2b4 zeigt das gesamte Prinzip der EST-Assemblierung  
Fig. 3 zeigt die *in silico* Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben  
Fig. 4a zeigt die Bestimmung der gewebsspezifischen Expression über elektronischen Northern.  
Fig. 4b zeigt den elektronischen Northern  
10     Fig. 5 zeigt die Isolierung von genomischen BAC- und PAC-Klonen.  
Die nachfolgenden Beispiele erläutern die Herstellung der erfundungsgemäßen Nukleinsäure-Sequenzen, ohne die Erfundung auf diese Beispiele und Nukleinsäure-Sequenzen zu beschränken

### Beispiel 1

#### 15     Suche nach Tumor-bezogenen Kandidatengenen

Zuerst wurden sämtliche ESTs des entsprechenden Gewebes aus der LifeSeq-Datenbank (vom Oktober 1997) extrahiert. Diese wurden dann mittels des Programms GAP4 des Staden-Pakets mit den Parametern 0% mismatch, 8 pads per read und einem minimalen match von 20 assembliert. Die nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen (Fails) wurden erst bei 1% mismatch und dann nochmals bei 2% mismatch mit der Datenbank assembliert. Aus den Contigs der Datenbank, die aus mehr als einer Sequenz bestanden, wurden Consensussequenzen errechnet. Die Singletons der Datenbank, die nur aus einer Sequenz bestanden, wurden mit den nicht in die GAP4-Datenbank aufgenommenen Sequenzen bei 2% mismatch erneut assembliert. Wiederum wurden für die Contigs die Consensussequenzen ermittelt. Alle übrigen ESTs wurden bei 4% mismatch erneut assembliert. Die Consensussequenzen wurden abermals extrahiert und mit den vorherigen Consensussequenzen sowie den Singletons und den nicht in die Datenbank aufgenommenen Sequenzen abschließend bei 4% mismatch assembliert. Die Consensussequenzen wurden gebildet und mit den Singletons und Fails als Ausgangsbasis für die Gewebsvergleiche verwendet. Durch diese Prozedur konnte sichergestellt werden, daß unter den verwendeten Parametern sämtliche Sequenzen von einander unabhängige Gembereiche darstellten.

30     Fig. 2b1–2b4 veranschaulicht die Verlängerung der Blasengewebs ESTs. Die so assemblierten Sequenzen der jeweiligen Gewebe wurden anschließend mittels des gleichen Programms miteinander verglichen (Fig. 3). Hierzu wurden erst alle Sequenzen des ersten Gewebes in die Datenbank eingegeben. (Daher war es wichtig, daß diese voneinander unabhängig waren.)

35     Dann wurden alle Sequenzen des zweiten Gewebes mit allen des ersten verglichen. Das Ergebnis waren Sequenzen, die für das erste bzw. das zweite Gewebe spezifisch waren, sowie welche, die in beiden vorkamen. Bei Letzteren wurde das Verhältnis der Häufigkeit des Vorkommens in den jeweiligen Geweben ausgewertet. Sämtliche, die Auswertung der assemblierten Sequenzen betreffenden Programme, wurden selbst entwickelt.

40     Alle Sequenzen, die mehr als viermal in jeweils einem der verglichenen Gewebe vorkamen, sowie alle, die mindestens fünfmal so häufig in einem der beiden Gewebe vorkamen wurden weiter untersucht. Diese Sequenzen wurden einem elektronischen Northern (s. Beispiel 2.1) unterzogen, wodurch die Verteilung in sämtlichen Tumor- und Normal-Geweben untersucht wurde (s. Fig. 4a und Fig. 4b). Die relevanten Kandidaten wurden dann mit Hilfe sämtlicher Incyte ESTs und allen ESTs öffentlicher Datenbanken verlängert (s. Beispiel 3). Anschließend wurden die Sequenzen und ihre Übersetzung in mögliche Proteine mit allen Nukleotid- und Proteindatenbanken verglichen, sowie auf mögliche, für Proteine kodierende Regionen untersucht.

#### 45     Beispiel 2

##### Algorithmus zur Identifikation und Verlängerung von partiellen cDNA-Sequenzen mit verändertem Expressionsmuster

50     Im folgenden soll ein Algorithmus zur Auffindung über- oder unterexprimierter Gene erläutert werden. Die einzelnen Schritte sind der besseren Übersicht halber auch in einem Flußdiagramm zusammengefaßt (s. Fig. 4b).

###### 2.1 Elektronischer Northern-Blot

55     Zu einer partiellen DNA-Sequenz S, z. B. einem einzelnen EST oder einem Contig von ESTs, werden mittels eines Standardprogramms zur Homologiesuche, z. B. BLAST (Altschul, S. F., Gish W., Miller, W., Myers, E. W. und Lipman, D. J. (1990) J. Mol. Biol., 215, 403–410), BLAST'2 (Altschul, S. F., Madden, T. L., Schäffer, A. A., Zhang, J., Zhang, Z., Miller, W. und Lipman, D. J. (1997) Nucleic Acids Research 25 3389–3402) oder FASTA (Pearson, W. R. und Lipman, D. J. (1988) Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85 2444–2448), die homologen Sequenzen in verschiedenen nach Geweben geordneten (privaten oder öffentlichen) EST-Bibliotheken bestimmt. Die dadurch ermittelten (relativen oder absoluten) 60     Gewebe-spezifischen Vorkommenshäufigkeiten dieser Partial-Sequenz S werden als elektronischer Northern-Blot bezeichnet.

###### 2.1.1

65     Analog der unter 2.1 beschriebenen Verfahrensweise wurde die Sequenz Seq. ID No. 1 gefunden, die 12,2 x stärker im normalen Blasengewebe als im Tumorgewebe vorkommt.

Das Ergebnis ist wie folgt:

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 1

NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase 0.0312	0.0026	12.203 0.0819	5
Brust 0.0064	0.0056	1.1342 0.8817	
Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock 0.0060	0.0156	0.3838 2.6058	
Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0201	0.3396 2.9444	
Gastrointestinal 0.0096	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn 0.0111	0.0226	0.4909 2.0372	
Haematopoetisch 0.0107	0.0379	0.2823 3.5422	
Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000	
Herz 0.0053	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden 0.0173	0.0234	0.7380 1.3551	
Lunge 0.0083	0.0184	0.4516 2.2144	
Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett 0.0120	0.0120	0.9994 1.0006	
Niere 0.0081	0.0274	0.2974 3.3626	20
Pankreas 0.0083	0.0110	0.7479 1.3371	
Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Prostata 0.0044	0.0106	0.4095 2.4423	
Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium 0.0152	0.0204	0.7482 1.3366	
Uterus_allgemein 0.0051	0.0100	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie 0.0036			
Prostata-Hyperplasie 0.0000			
Samenblase 0.0000			
Sinnesorgane 0.0000			
Weisse_Blutkörperchen 0.0139			30
Zervix 0.0000			
FOETUS			
%Haeufigkeit			
Entwicklung 0.0000			35
Gastrointestinal 0.0083			
Gehirn 0.0063			
Haematopoetisch 0.0157			
Haut 0.0000			40
Hepatisch 0.0000			
Herz-Blutgefaesse 0.0107			
Lunge 0.0253			
Nebenniere 0.0507			
Niere 0.0000			45
Placenta 0.0182			
Prostata 0.0000			
Sinnesorgane 0.0377			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
%Haeufigkeit			
Brust 0.0000			
Eierstock_n 0.0000			
Eierstock_t 0.0051			55
Endokrines_Gewebe 0.0000			
Foetal 0.0035			
Gastrointestinal 0.0122			
Haematopoetisch 0.0171			
Haut-Muskel 0.0065			60
Hoden 0.0077			
Lunge 0.0082			
Nerven 0.0090			
Prostata 0.0068			
Sinnesorgane 0.0000			65
Uterus_n 0.0042			

In analoger Verfahrensweise wurden auch folgende Northerns gefunden:

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 2

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0741	0.0102	7.2459 0.1380
	Brust 0.0102	0.0038	2.7221 0.3674
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0038	0.0046	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0052	0.0061	0.8467 1.1810
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0060	0.5711 1.7510
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
20	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2991 3.3428
	Penis 0.0120	0.0267	0.4493 2.2259
	Prostata 0.0109	0.0064	1.7060 0.5862
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_allgemein 0.0651	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0052		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
60	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042
65	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 3

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0585	0.0153	3.8136 0.2622	5
Brust	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0204	0.0100	2.0377 0.4907	
Gastrointestinal	0.0077	0.0046	1.6567 0.6036	10
Gehirn	0.0059	0.0092	0.6400 1.5626	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0085	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0173	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0104	0.0020	5.0803 0.1968	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0217	0.0068	3.1722 0.3152	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0654	0.0362	1.8064 0.5536	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0204	0.3741 2.6732	
Uterus_allgemein	0.0000	0.1908	0.0000 undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0803			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0139			35
Gastrointenstinal	0.0083			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			45
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0128			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0162			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0333			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 4

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0351	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herr-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 5

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0077	0.0075	1.0208 0.9796	
Duenndarm	0.0092	0.0165	0.5561 1.7982	
Eierstock	0.0150	0.0182	0.8223 1.2161	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0025	2.0377 0.4907	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0081	0.0072	1.1314 0.8839	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.2542	0.0144 69.2517	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600	
Herz	0.0042	0.0275	0.1542 6.4853	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774 1.4763	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0033	0.0110	0.2991 3.3428	20
Penis	0.0060	0.0267	0.2246 4.4517	
Prostata	0.0065	0.0085	0.7677 1.3026	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0043			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0028			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0118			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0251			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.0152			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0105			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0259			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0120			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus_n	0.0167			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 6

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0390	0.0026	15.2544	0.0656
	Brust 0.0460	0.0056	8.1663	0.1225
	Duenndarm 0.0123	0.0331	0.3707	2.6973
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0050	2.3774	0.4206
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0052	0.0072	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0294	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0143	0.0065	2.2059	0.4533
15	Herz 0.0074	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920	2.0326
	Lunge 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0240	0.4283	2.3347
	Niere 0.0516	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium 0.0270	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.1087			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0319			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0498
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0272
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0116
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0194
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0151
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 7

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290      0.0728	5
Brust	0.0051	0.0038	1.3611 0.7347	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef      undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0057	0.0046	1.2425 0.8048	10
Gehirn	0.0044	0.0000	undef 0.0000	
Haematopoetisch	0.0053	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0021	0.0137	0.1542 6.4853	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161 0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northerm für SEQ. ID. NO: 8

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0234	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0022	0.0051	0.4320 2.3149
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0041	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0055	0.2991 3.3428
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0065	0.0043	1.5354 0.6513
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0068	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0012	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0032	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0040	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
65	Uterus_n 0.0083	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 9

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781      0.0936	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611 0.7347	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513 0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0046	0.8283 1.2072	10
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200 1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0379	0.0000 undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321 0.4921	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0060	0.8567 1.1673	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef	
Prostata	0.0000	0.0085	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0052			30
Zervix	0.0000			
	FOETUS %Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0061			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0490			55
Foetal	0.0017			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0194			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 10

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0273	0.0051	5.3391 0.1873
	Brust 0.0115	0.0038	3.0624 0.3265
	Duenndarm 0.0061	0.0165	0.3707 2.6973
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0050	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0038	0.0046	0.8283 1.2072
	Gehirn 0.0037	0.0041	0.8999 1.1112
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0117	0.4920 2.0326
	Lunge 0.0042	0.0061	0.6774 1.4763
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0060	0.2856 3.5020
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930 1.2610
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0087	0.0085	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0068	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0124
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0272
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0203
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0047
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0228
	Haut-Muskel 0.0130
60	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0080
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 11

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272 0.1311	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221 0.3674	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0104	0.2878 3.4745	
Endokrines_Gewebe	0.0221	0.0226	0.9811 1.0192	
Gastrointestinal	0.0057	0.0231	0.2485 4.0241	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999 1.1112	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0110	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0259	0.0000 undef	
Herz	0.0074	0.0137	0.5397 1.8529	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0062	0.0082	0.7621 1.3122	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0136	0.0137	0.9913 1.0088	
Pankreas	0.0066	0.0110	0.5983 1.6714	20
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0131	0.0043	3.0709 0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstial	0.0056			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0185			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0099			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0100			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus_n	0.0125			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 12

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0858	0.0358	2.3971 0.4172
	Brust 0.0435	0.0338	1.2854 0.7779
	Duenndarm 0.0276	0.0165	1.6683 0.5994
	Eierstock 0.0120	0.0182	0.6579 1.5201
10	Endokrines_Gewebe 0.0290	0.0176	1.6496 0.6062
	Gastrointestinal 0.0594	0.0231	2.5679 0.3894
	Gehirn 0.0333	0.0657	0.5062 1.9754
	Haematopoetisch 0.0134	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0514	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0381	0.0129	2.9412 0.3400
15	Herz 0.0413	0.0275	1.5034 0.6652
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0384	0.0164	2.3497 0.4256
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0307	0.9454 1.0578
	Muskel-Skelett 0.0188	0.0360	0.5235 1.9102
20	Niere 0.0217	0.0548	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0132	0.0166	0.7977 1.2536
	Penis 0.0779	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0632	0.0447	1.4136 0.7074
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0068	3.3668 0.2970
	Uterus_allgemein 0.0306	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0416		
	Prostata-Hyperplasie 0.0595		
	Samenblase 0.0712		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	Zervix 0.0426		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0250
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0118
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.1014
45	Niere 0.0185
	Placenta 0.0242
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0628

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.1293
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0490
	Foetal 0.0338
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0162
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0301
	Prostata 0.0410
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0624

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 13

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0468	0.0077	6.1018 0.1639	5
Brust	0.0294	0.0075	3.9130 0.2556	
Duenndarm	0.0184	0.0165	1.1122 0.8991	
Eierstock	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0050	1.6981 0.5889	
Gastrointestinal	0.0192	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0059	0.0062	0.9599 1.0417	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0808	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0540	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0156	0.0082	1.9051 0.5249	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211 0.3967	
Muskel-Skelett	0.1216	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0274	0.0000 undef	20
Pancreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	
Penis	0.1587	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0087	0.0106	0.8189 1.2211	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0457	0.0272	1.6834 0.5940	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0160			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0426			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0167			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0249			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0062			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0029			55
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0309			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0090			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus_n	0.0208			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 14

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0351	0.0026	13.7290	0.0728
	Brust 0.0102	0.0075	1.3611	0.7347
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0026	3.4538	0.2895
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377	0.4907
	Gastrointestinal 0.0115	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0065	0.7353	1.3600
15	Herz 0.0233	0.0137	1.6961	0.5896
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0135	0.0041	3.3022	0.3028
	Magen-Speiseroehre 0.0193	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0634	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0027	0.0068	0.3965	2.5219
20	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0359	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0218	0.0043	5.1181	0.1954
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0000	undef	0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0507
	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0136	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0029	
	Gastrointestinal 0.0244	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
60	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0181	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
65	Uterus_n 0.0583	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 15

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.1209	0.0383	3.1526 0.3172	5
Brust	0.0333	0.0338	0.9830 1.0173	
Duenndarm	0.0215	0.0662	0.3244 3.0827	
Eierstock	0.0180	0.0234	0.7675 1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0460	0.0802	0.5731 1.7448	
Gastrointestinal	0.0096	0.0231	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.1464	0.2382	0.6144 1.6275	
Haematopoetisch	0.0174	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0551	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0904	0.2006	0.4507 2.2189	
Herz	0.0307	0.1924	0.1597 6.2617	15
Hoden	0.0345	0.0234	1.4759 0.6775	
Lunge	0.0177	0.0286	0.6169 1.6210	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0460	0.4202 2.3799	
Muskel-Skelett	0.0891	0.0240	3.7122 0.2694	
Niere	0.0081	0.0411	0.1983 5.0439	
Pankreas	0.0248	0.0331	0.7479 1.3371	20
Penis	0.0689	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0327	0.0106	3.0709 0.3256	
Uterus_Endometrium	0.0270	0.1583	0.1707 5.8579	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0408	0.3741 2.6732	
Uterus_allgemein	0.0866	0.0954	0.9074 1.1021	25
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0386			
Samenblase	0.4183			
Sinnesorgane	0.0588			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0426			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0071			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0185			
Placenta	0.0242			
Prostata	0.1247			
Sinnesorgane	0.0000			45

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0164			
Nerven	0.0100			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 16

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0390	0.0051	7.6272 0.1311
	Brust 0.0141	0.0075	1.8715 0.5343
	Duenn darm 0.0215	0.0165	1.2976 0.7707
	Eierstock 0.0000	0.0078	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0170	0.0577	0.2953 3.3861
	Gastrointestinal 0.0172	0.0324	0.5325 1.8779
	Gehirn 0.1294	0.0318	4.0643 0.2460
	Haematopoetisch 0.0094	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0138	0.0275	0.5011 1.9955
	Hoden 0.0230	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0166	0.0164	1.0161 0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0077	3.7816 0.2644
	Muskel-Skelett 0.0240	0.0120	1.9989 0.5003
20	Niere 0.0163	0.0137	1.1896 0.8406
	Pankreas 0.0099	0.0055	1.7949 0.5571
	Penis 0.0539	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0174	0.0128	1.3648 0.7327
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0588		
30	Weisse_Elutkoerperchen 0.0173		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0083
	Gehirn 0.1376
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0253
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0126

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0093
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0399
	Haut-Muskel 0.0097
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0442
	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 17

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781      0.0936	5
Brust	0.0307	0.0038	8.1663 0.1225	
Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707 2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0249	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0015	0.0010	1.4399 0.6945	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0367	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0148	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0062	0.0020	3.0482 0.3281	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0120	0.0267	0.4493 2.2259	
Prostata	0.0087	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0288			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0111			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0204			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0047			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0083			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 18

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0585	0.0230	2.5424 0.3933
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0368	0.0165	2.2244 0.4496
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0025	2.0377 0.4907
	Gastrointestinal 0.0115	0.0046	2.4850 0.4024
	Gehirn 0.0022	0.0031	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0509	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0218	0.0149	1.4623 0.6838
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0229	0.0543	0.4208 2.3761
	Uterus_allgemein 0.0407	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0356		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0068	
	Eierstock_n 0.0000	
55	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0052	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0030	
	Prostata 0.0137	
65	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0083	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 19

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0390	0.0128	3.0509 0.3278	5
Brust	0.0153	0.0094	1.6333 0.6123	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538 0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0230	0.0093	2.4850 0.4024	10
Gehirn	0.0052	0.0072	0.7200 1.3890	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0259	0.5515 1.8133	
Herz	0.0106	0.0137	0.7710 1.2971	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321 0.4921	
Magen-Speiseroehre	0.0870	0.0153	5.6724 0.1763	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0607	0.0272 36.7712	20
Penis	0.0419	0.0800	0.5241 1.9079	
Prostata	0.0392	0.0298	1.3161 0.7598	
Uterus_Endometrium	0.0473	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834 0.5940	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0069			30
Zervix	0.0106			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0167			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0071			
Lunge	0.0145			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			45
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0408			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0203			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0099			55
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0389			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0246			
Nerven	0.0070			
Prostata	0.0068			60
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus_n	0.0333			
				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 20

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0429	0.0153	2.7966 0.3576
	Brust 0.0141	0.0282	0.4991 2.0038
	Duenndarm 0.0307	0.0165	1.8537 0.5395
	Eierstock 0.0300	0.0390	0.7675 1.3029
10	Endokrines_Gewebe 0.0409	0.0176	2.3288 0.4294
	Gastrointestinal 0.0230	0.0139	1.6567 0.6036
	Gehirn 0.0200	0.0298	0.6703 1.4919
	Haematopoetisch 0.0160	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0143	0.0259	0.5515 1.8133
	Herz 0.0339	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0288	0.0234	1.2299 0.8130
	Lunge 0.0270	0.0409	0.6604 1.5141
20	Magen-Speiseroehre 0.0483	0.0230	2.1009 0.4760
	Muskel-Skelett 0.0394	0.0240	1.6419 0.6090
	Niere 0.0244	0.0205	1.1896 0.8406
25	Pankreas 0.0198	0.0276	0.7180 1.3928
	Penis 0.0359	0.0533	0.6739 1.4839
	Prostata 0.0305	0.0255	1.1942 0.8374
30	Uterus_Endometrium 0.0270	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0534	0.0272	1.9640 0.5092
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0384		
	Prostata-Hyperplasie 0.0595		
	Samenblase 0.0267		
	Sinnesorgane 0.0118		
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0286		
	Zervix 0.0426		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0222
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0285
	Lunge 0.0470
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0247
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0377

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0244
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0080
	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0250

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 21

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611 0.7347	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0150	0.2264 4.4166	
Gastrointestinal	0.0000	0.0139	0.0000 undef	10
Gehirn	0.0177	0.0031	5.7597 0.1736	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	
Lunge	0.0031	0.0123	0.2540 3.9367	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Prostata..	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0142			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0070			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0125			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 22

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0021	0.3600 2.7779
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0023
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 23

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000 undef	
Duenndarm	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0115	0.0046	2.4850 0.4024	10
Gehirn	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0240	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0065	0.0064	1.0236 0.9769	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0475	0.4810 2.0791	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			45

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0006			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 24

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T    T/N
5	Blase 0.0351	0.0051	6.8645 0.1457
	Brust 0.0026	0.0056	0.4537 2.2042
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0130	0.6908 1.4477
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0075	0.9057 1.1042
	Gastrointestinal 0.0172	0.0139	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0044	0.0082	0.5400 1.8520
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000 undef
15	Herz 0.0074	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0173	0.0117	1.4759 0.6775
	Lunge 0.0042	0.0143	0.2903 3.4446
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0060	1.4278 0.7004
	Niere 0.0000	0.0205	0.0000 undef
20	Pankreas 0.0033	0.0110	0.2991 3.3428
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0087	0.0128	0.6824 1.4654
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0035		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
40	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0254
	Niere 0.0062
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0101	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0181	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0114	
	Haut-Muskel 0.0130	
60	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0060	
	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0000	
65	Uterus_n 0.0416	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 25

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Elutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
 FOETUS					
	%Haeufigkeit				35
Entwicklung	0.0000				
Gastrointestinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				40
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 26

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0429	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0015	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0043	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0171
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 27

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T      T/N	
Blase	0.0312	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0090	0.0056	1.5879 0.6298	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0052	1.1513 0.8686	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528 2.2083	
Gastrointestinal	0.0077	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0030	0.0051	0.5760 1.7362	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0010	0.0020	0.5080 1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0290	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0065	0.0043	1.5354 0.6513	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0260			40
Herz-Blutgefaesse	0.0071			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0126			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0064			55
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0114			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0154			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0050			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0167			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 28

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N
5	Blase 0.0429	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 29

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0312	0.0051	6.1018 0.1639	5
Brust	0.0307	0.0019	16.3327 0.0612	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0057	0.0093	0.6213 1.6096	10
Gehirn	0.0015	0.0062	0.2400 4.1669	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706 0.6800	
Herz	0.0138	0.0412	0.3341 2.9932	15
Hoden	0.0403	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0114	0.0061	1.8628 0.5368	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0153	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0274	0.0300	0.9138 1.0944	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0050	0.0331	0.1496 6.6857	20
Penis	0.0359	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0686	0.0679	1.0100 0.9901	
Uterus_allgemein	0.0458	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0124			
Placenta	0.0061			45
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0077			60
Lunge	0.0410			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0250			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 30

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0273	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0041	
	Gastrointestinal 0.0122	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
60	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0010	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
65	Uterus_n 0.0125	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 31

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0033	0.0055	0.5983 1.6714	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0107			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0499			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 32

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
	Blase 0.0234	0.0026	9.1527 0.1093
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
28	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0052
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0068
65	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 33

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T      T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756 1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0150	0.5660 1.7667	
Gastrointestinal	0.0019	0.0139	0.1381 7.2434	10
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998 0.2778	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759 0.6775	15
Lunge	0.0042	0.0061	0.6774 1.4763	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef	
Niere	0.0109	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0120	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0026			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0023			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0070			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 34

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 35

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0060	0.2856 3.5020	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			45

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0310			
Uterus_n	0.0042			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 36

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 37

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0038	0.0038	1.0208	0.9796	
Duenndarm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269	0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0025	2.7170	0.3681	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0089	0.0144	0.6171	1.6205	
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0095	0.0065	1.4706	0.6800	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0115	0.0000	undef	0.0000	
Lunge	0.0135	0.0123	1.1007	0.9085	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856	3.5020	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930	1.2610	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0022	0.0149	0.1462	6.8384	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0136	0.5611	1.7821	
Uterus_allgemein	0.0255	0.1908	0.1334	7.4943	25
Brust-Hyperplasie	0.0096				
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0104				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointenstinal	0.0056				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0118				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0036				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0062				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.1595				
Eierstock_t	0.0253				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0116				
Gastrointestinal	0.0366				
Haematopoetisch	0.0456				
Haut-Muskel	0.0162				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0221				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 38

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0273	0.0051	5.3391 0.1873
	Brust 0.0026	0.0075	0.3403 2.9389
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0125	0.5434 1.8403
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0081	0.0031	2.6399 0.3788
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0257	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0064	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0042	0.0102	0.4064 2.4605
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0136	0.0205	0.6609 1.5132
20	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0109	0.0021	5.1181 0.1954
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0528	0.1280 7.8106
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0235		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0056
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0107
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0507
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 39

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 40

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0034	0.0050	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0007	0.0031	0.2400 4.1669
	Haematopoetisch 0.0040	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastricentinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0035
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0227
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0050
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 41

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527 0.1093	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0081	0.0010	7.9196 0.1263	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0021	0.0000 undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0006			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 42

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pancreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0042

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 43

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0052	0.0041	1.2701	0.7873	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef	0.0000	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0060	1.1422	0.8755	
Niere	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991	3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata_	0.0000	0.0021	0.0000	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0118				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0039				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefaesse	0.0071				
Lunge	0.0036				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0152				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0244				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0010				
Prostata	0.0068				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 44

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
35	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
40	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 45

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0032	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0035			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0077			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 46

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
				N/T	T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust	0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz	0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere	0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis	0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie	0.0000			
	Prostata-Hyperplasie	0.0000			
	Samenblase	0.0000			
	Sinnesorgane	0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			
	Zervix	0.0000			

	FOETUS	%Haeufigkeit
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
	Brust	0.0000
55	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 47

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000	undef	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000				25
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 48

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0273	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0025	0.6792 1.4722
	Gastrointestinal 0.0019	0.0046	0.4142 2.4145
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0048	0.0000	undef 0.0000
15	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0017
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 49

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 50

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
65	Uterus_n 0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 51

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0026	0.0000	undef 0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0060	0.0078	0.7675 1.3029	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0025	1.3585 0.7361	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0022	0.0021	1.0799 0.9260	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0053	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samerblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Elutkoerperchen	0.0026			30
Zervix	0.0000			
 FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0061			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0136			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0041			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 52

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
65	Uterus_n 0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 53

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T      T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0000	0.0010	0.0000 undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef 0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000 undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0032			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0020			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 54

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000 undef
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000 undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 55

	NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse		
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				
FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN					50
	%Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 56

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0026	0.0000	undef	0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0038	0.0093	0.4142	2.4145
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0010	0.0020	0.5080	1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0054	0.0068	0.7930	1.2610
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
55	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0228
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 57

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Endokrines_Gewebe	Blase 0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef	
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef	
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef	
	Gastrointestinal 0.0000	0.0025	0.0000 undef	
Haematopoetisch	Gehirn 0.0007	0.0000	undef 0.0000	10
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef	
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef	
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef	
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	Lunge 0.0010	0.0041	0.2540 3.9367	15
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef	
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef	
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000	
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef	20
Uterus_Endometrium	Penis 0.0000	0.0267	0.0000 undef	
	Prostata 0.0065	0.0000	undef 0.0000	
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef	
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0068	0.0000 undef	
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef	25
Weisse_Blutkoerperchen	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0030			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Zervix 0.0000			30

	FOETUS %Haeufigkeit			35
Haematopoetisch	Entwicklung 0.0000			
	Gastrointenstinal 0.0000			
	Gehirn 0.0000			
	Haut 0.0039			
	Hepatisch 0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	Herz-Blutgefaesse 0.0036			
	Lunge 0.0036			
	Nebenniere 0.0000			
	Niere 0.0000			
	Placenta 0.0000			45
Sinnesorgane	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			50
	%Haeufigkeit			
Endokrines_Gewebe	Brust 0.0000			
	Eierstock_n 0.0000			
	Eierstock_t 0.0000			
	Foetal 0.0000			55
	Gastrointestinal 0.0000			
Haematopoetisch	Haematopoetisch 0.0000			
	Haut-Muskel 0.0000			
	Hoden 0.0077			
	Lunge 0.0000			
	Nerven 0.0000			60
Sinnesorgane	Prostata 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
	Uterus_n 0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 58

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
65	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 59

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0273	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000	undef	
Lunge	0.0000	0.0020	0.0000	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointenstinal	0.0028				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				40
Hepatisch	0.0000				
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				45
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				60
Hoden	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 60

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0051	0.0038	1.3611 0.7347
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0022	0.0021	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
25	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.1595
55	Eierstock_t 0.0203
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 61

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0061	0.0165	0.3707 2.6973	
Eierstock	0.0030	0.0052	0.5756 1.7372	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0075	0.4528 2.2083	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000 undef	10
Gehirn	0.0067	0.0051	1.2959 0.7716	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0031	0.0061	0.5080 1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0120	0.2856 3.5020	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406	
Pankreas	0.0066	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0030			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0056			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0249			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0152			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0064			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0068			60
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 62

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0022	0.0010	2.1599	0.4630
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0063
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 63

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645 0.1457	5
Brust	0.0026	0.0075	0.3403 2.9389	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0052	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef 0.0000	10
Gastrointestinal	0.0019	0.0046	0.4142 2.4145	
Gehirn	0.0015	0.0041	0.3600 2.7779	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	15
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	
Lunge	0.0042	0.0041	1.0161 0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0120	0.0000 undef	20
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	25
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0089			30
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Elutkoerperchen	0.0009			
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0278			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0061			40
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0050			55
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 64

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
65	Uterus_n 0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 65

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				45

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0077				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 66

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0234	0.0026	9.1527	0.1093
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Elutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
65	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 67

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0390	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0245			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 68

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS	
	%Haeufigkeit	
35	Entwicklung	0.0000
	Gastrointenstinal	0.0000
	Gehirn	0.0000
	Haematopoetisch	0.0039
40	Haut	0.0000
	Hepatisch	0.0000
	Herz-Blutgefaesse	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nebenniere	0.0000
45	Niere	0.0000
	Placenta	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust	0.0000
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0000
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0000
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
	Haut-Muskel	0.0000
60	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 69

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0858	0.0077	11.1866      0.0894	5
Brust	0.0102	0.0075	1.3611 0.7347	
Duenndarm	0.0092	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0260	0.2303 4.3431	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0125	0.5434 1.8403	
Gastrointestinal	0.0038	0.0278	0.1381 7.2434	10
Gehirn	0.0022	0.0144	0.1543 6.4818	
Haematopoetisch	0.0013	0.0379	0.0353 28.3379	
Haut	0.0734	0.1695	0.4332 2.3084	
Hepatisch	0.0000	0.0194	0.0000 undef	
Herz	0.0159	0.0137	1.1565 0.8647	15
Hoden	0.0000	0.0468	0.0000 undef	
Lunge	0.0073	0.0164	0.4445 2.2496	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0180	0.3807 2.6265	
Niere	0.0163	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0066	0.0055	1.1966 0.8357	20
Penis	0.0210	0.0267	0.7862 1.2719	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0338	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0068	1.1223 0.8911	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0128			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0139			35
Gastrointenstinal	0.0028			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0462			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			45

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0245			
Foetal	0.0128			55
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0227			
Hoden	0.0154			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0171			
Prostata	0.0068			60
Sinnesorgane	0.0155			
Uterus_n	0.0000			

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 70

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0234	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef undef
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
20	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 71

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	15
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	20
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	25
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 72

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0585	0.0077	7.6272 0.1311
	Brust 0.0192	0.0019	10.2079 0.0980
	Duenndarm 0.0123	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0090	0.0052	1.7269 0.5791
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0075	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0307	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0118	0.0062	1.9199 0.5209
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0190	0.0065	2.9412 0.3400
15	Herz 0.0244	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0010	0.0041	0.2540 3.9367
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0086	0.0000	undef 0.0000
	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
20	Pankreas 0.0033	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0509	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0153	0.0085	1.7913 0.5582
	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0320		
	Prostata-Hyperplasie 0.0238		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0167
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0162
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0068
	Sinnesorgane 0.0155
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 73

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0007	0.0000	undef	0.0000	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0030	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0139				35
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 74

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
45	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 75

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0010	0.0000	undef	0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorganc	0.0000				
Weisse_Elutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastricintestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0012				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0057				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 76

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0702	0.0026	27.4580      0.0364
	Brust 0.0013	0.0000	undef    0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef    undef
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000    undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef    undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef    undef
	Gehirn 0.0000	0.0021	0.0000    undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0379	0.0000    undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef    undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef    undef
15	Herz 0.0021	0.0000	undef    0.0000
	Hoden 0.0000	0.0117	0.0000    undef
	Lunge 0.0021	0.0061	0.3387    2.9526
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef    undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef    0.0000
20	Niere 0.0000	0.0000	undef    undef
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000    undef
	Penis 0.0000	0.0267	0.0000    undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef    0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef    0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef    undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef    undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0142
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0245
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 77

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0051	6.8645	0.1457	5
Brust	0.0026	0.0019	1.3611	0.7347	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0104	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0000	undef	0.0000	
Gastrointestinal	0.0019	0.0093	0.2071	4.8289	10
Gehirn	0.0067	0.0010	6.4796	0.1543	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Herz	0.0117	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef	0.0000	15
Lunge	0.0010	0.0041	0.2540	3.9367	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605	0.7933	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef	0.0000	
Niere	0.0054	0.0137	0.3965	2.5219	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef	0.0000	20
Penis	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0032				
Prostata-Hyperplasie	0.0030				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0056			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0087			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0130			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0090			
Prostata	0.0068			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0458			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 78

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0093	0.0000	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0412	0.0257	38.9118
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
65	Uterus_n 0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 79

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T	T/N	
Blase	0.0351	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 80

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0624	0.0102	6.1018 0.1639
	Brust 0.0141	0.0056	2.4953 0.4008
	Duenndarm 0.0215	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0150	0.0078	1.9188 0.5212
10	Endokrines_Gewebe 0.0187	0.0050	3.7359 0.2677
	Gastrointestinal 0.0307	0.0139	2.2089 0.4527
	Gehirn 0.0214	0.0082	2.6099 0.3832
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0147	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0190	0.0065	2.9412 0.3400
15	Herz 0.0360	0.0137	2.6213 0.3815
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0083	0.0041	2.0321 0.4921
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef 0.0000
	Muskel-Skelett 0.0171	0.0060	2.8555 0.3502
20	Niere 0.0136	0.0548	0.2478 4.0351
	Pankreas 0.0083	0.0387	0.2137 4.6800
	Penis 0.0150	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0087	0.0064	1.3648 0.7327
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0255	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0288		
	Prostata-Hyperplasie 0.0119		
	Samenblase 0.1246		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0017		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0108
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0077
	Lunge 0.0082
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0205
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 81

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 82

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0390	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
45	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0000	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0000	
	Prostata 0.0000	
	Sinnesorgane 0.0000	
65	Uterus_n 0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 83

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0273	0.0026	10.6781      0.0936	5
Brust	0.0013	0.0000	undef      0.0000	
Duenn darm	0.0061	0.0000	undef      0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef      undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792      1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef      undef	
Gehirn	0.0229	0.0031	7.4396      0.1344	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef      0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef      undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef      undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef      0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef      undef	15
Lunge	0.0052	0.0000	undef      0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef      undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0000	undef      0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef      undef	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef      0.0000	20
Penis	0.0000	0.0000	undef      undef	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473      0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef      undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef      undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef      undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointenstinal	0.0028		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0000		
Lunge	0.0000		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0000		
Placenta	0.0061		45
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0068		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0253		
Endokrines_Gewebe	0.0000		55
Foetal	0.0006		
Gastrointestinal	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0000		
Hoden	0.0000		60
Lunge	0.0000		
Nerven	0.0201		
Prostata	0.0068		
Sinnesorgane	0.0310		
Uterus_n	0.0000		65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 84

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 85

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef    0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef    undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef    undef	
EierStock	0.0000	0.0000	undef    undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef    undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef    undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef    undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef    undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef    undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef    undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef    undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef    undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef    undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef    undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef    undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef    undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef    undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef    undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef    undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef    undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef    undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef    undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 86

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0273	0.0051	5.3391 0.1873
	Brust 0.0000	0.0000	undef undef
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0000	0.0010	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0037	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0021	0.0041	0.5080 1.9684
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0012
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0000
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 87

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef	0.0000	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0011	0.0000	undef	0.0000	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000				
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointestinal	0.0000				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				45
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0000				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 88

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0000	undef	0.0000
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118	1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0052
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0386
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0068
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 89

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	20
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	25
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 90

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0312	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0000	undef	undef
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0015	0.0010	1.4399	0.6945
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef	undef
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		undef	undef
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 91

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	10
Gehirn	0.0000	0.0000	undef undef	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	15
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			35
Entwicklung	0.0000			
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			40
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			45
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			50
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			60
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 92

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0312	0.0051	6.1018 0.1639
	Brust 0.0102	0.0113	0.9074 1.1021
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef 0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0051	0.0125	0.4075 2.4537
	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0067	0.0329	0.2025 4.9386
	Haematopoetisch 0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0330	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0333	0.0323	1.0294 0.9714
15	Herz 0.0127	0.0137	0.9252 1.0809
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0156	0.0082	1.9051 0.5249
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0120	0.4283 2.3347
20	Niere 0.0027	0.0205	0.1322 7.5658
	Pankreas 0.0050	0.0110	0.4487 2.2286
	Penis 0.0060	0.0267	0.2246 4.4517
	Prostata 0.0131	0.0128	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0208		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0147		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0545
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0340
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0608
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0198
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0171
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
	Prostata 0.0068
65	Sinnesorgane 0.0697
	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 93

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0234	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0166	0.0226	0.7372	1.3564	
Duenndarm	0.0000	0.0165	0.0000	undef	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0238	0.0276	0.8645	1.1567	
Gastrointestinal	0.0115	0.0093	1.2425	0.8048	10
Gehirn	0.0089	0.0072	1.2342	0.8102	
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0220	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0143	0.0518	0.2757	3.6266	
Herz	0.0148	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0230	0.0117	1.9679	0.5082	15
Lunge	0.0218	0.0266	0.8207	1.2185	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0120	0.9994	1.0006	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948	1.6813	
Pancreas	0.0149	0.0221	0.6731	1.4857	20
Penis	0.0180	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0240	0.0213	1.1260	0.8881	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0340	0.6734	1.4851	
Uterus_allgemein	0.0204	0.0000	undef	0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0224				
Prostata-Hyperplasie	0.0208				
Samenblase	0.0445				
Sinnesorgane	0.0235				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009				30
Zervix	0.0213				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointenstinal	0.0167				
Gehirn	0.0000				
Haematopoetisch	0.0079				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0108				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0061				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0245				55
Foetal	0.0099				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0065				
Hoden	0.0154				
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0020				
Prostata	0.0068				60
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0042				

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 94

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0195	0.0026	7.6272 0.1311
	Brust 0.0051	0.0094	0.5444 1.8368
	Duenndarm 0.0092	0.0165	0.5561 1.7982
	Eierstock 0.0000	0.0052	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0150	0.7925 1.2619
	Gastrointestinal 0.0019	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0030	0.0103	0.2880 3.4724
	Haematopoetisch 0.0067	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0052	0.0020	2.5402 0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0153	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0120	0.1428 7.0040
20	Niere 0.0081	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974 1.1143
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0043	0.5118 1.9538
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0381	0.0068	5.6113 0.1782
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0089		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0095		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0028
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.2513
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0036
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0185
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0709
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0070
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0228
	Haut-Muskel 0.0194
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0010
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0250

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 95

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0351	0.0026	13.7290      0.0728	5
Brust	0.0026	0.0094	0.2722 3.6736	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000 undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0075	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0093	0.0000 undef	
Gehirn	0.0037	0.0051	0.7200 1.3890	10
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0129	1.4706 0.6800	
Herz	0.0064	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0117	0.4920 2.0326	15
Lunge	0.0021	0.0061	0.3387 2.9526	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef	
Niere	0.0081	0.0068	1.1896 0.8406	
Pankreas	0.0050	0.0166	0.2991 3.3428	20
Penis	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0106	0.4095 2.4423	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0061			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0028			
Gehirn	0.0063			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0036			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0251			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0116			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0194			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0155			
Uterus_n	0.0208			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 96

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0090	0.0094	0.9527	1.0496
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef	undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0153	0.0176	0.8733	1.1451
	Gastrointestinal 0.0096	0.0185	0.5177	1.9316
	Gehirn 0.0081	0.0031	2.6399	0.3788
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef	0.0000
15	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0052	0.0020	2.5402	0.3937
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0054	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0050	0.0055	0.8974	1.1143
	Penis 0.0180	0.0000	undef	0.0000
	Prostata 0.0022	0.0064	0.3412	2.9308
25	Uterus_Endometrium 0.0135	0.0528	0.2561	3.9053
	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0136	0.5611	1.7821
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0083
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
40	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0051
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0099
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0324
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0328
	Nerven 0.0141
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0167

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 97

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0195	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0064	0.0038	1.7013 0.5878	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0156	0.1919 5.2117	
Endokrines_Gewebe	0.0136	0.0251	0.5434 1.8403	
Gastrointestinal	0.0134	0.0139	0.9664 1.0348	
Gehirn	0.0074	0.0277	0.2667 3.7502	10
Haematopoetisch	0.0134	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0065	0.7353 1.3600	
Herz	0.0127	0.0412	0.3084 3.2426	
Hoden	0.0115	0.0585	0.1968 5.0816	15
Lunge	0.0104	0.0204	0.5080 1.9684	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0230	0.8404 1.1900	
Muskel-Skelett	0.0120	0.0240	0.4997 2.0011	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610	
Pankreas	0.0083	0.0331	0.2493 4.0114	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0240	0.0277	0.8661 1.1545	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.1055	0.0000 undef	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0178			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointenstinal	0.0111		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0039		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0036		
Lunge	0.0181		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0124		
Placenta	0.0000		
Prostata	0.0249		45
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0000		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0051		
Endokrines_Gewebe	0.0000		55
Foetal	0.0012		
Gastrointestinal	0.0122		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0065		
Hoden	0.0000		
Lunge	0.0082		
Nerven	0.0070		
Prostata	0.0068		60
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0000		

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO. 98

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0026	0.0113	0.2268 4.4083
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0026	2.3025 0.4343
10	Endokrines_Gewebe 0.0119	0.0100	1.1887 0.8413
	Gastrointestinal 0.0077	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0229	0.0062	3.7198 0.2688
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0847	0.0000 undef
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0032	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0115	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0062	0.0041	1.5241 0.6561
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
	Niere 0.0027	0.0137	0.1983 5.0439
	Pankreas 0.0033	0.0055	0.5983 1.6714
	Penis 0.0090	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824 1.4654
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000 undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0954	0.0534 18.7357
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0106		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0557
	Gastrointenstinal 0.0083
	Gehirn 0.0188
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0142
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0068	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0051	
55	Endokrines_Gewebe 0.0245	
	Foetal 0.0175	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0114	
60	Haut-Muskel 0.0389	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0164	
	Nerven 0.0251	
	Prostata 0.0000	
65	Sinnesorgane 0.0310	
	Uterus_n 0.0208	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 99

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035      0.0819	5
Brust	0.0166	0.0132	1.2638 0.7912	
Duenndarm	0.0061	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0026	3.4538 0.2895	
Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0025	3.3962 0.2944	
Gastrointestinal	0.0115	0.0231	0.4970 2.0121	10
Gehirn	0.0074	0.0082	0.8999 1.1112	
Haematopoetisch	0.0120	0.0379	0.3176 3.1487	
Haut	0.0147	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0085	0.0275	0.3084 3.2426	15
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	
Lunge	0.0104	0.0061	1.6934 0.5905	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0180	0.2856 3.5020	
Niere	0.0109	0.0274	0.3965 2.5219	
Parkreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef undef	
Brust-Hyperplasie	0.0224		undef 0.0000	25
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samerblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0113			30
Zervix	0.0106			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0139			35
Gastrointestinal	0.0111			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0260			40
Herz-Blutgefaesse	0.0107			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0507			
Niere	0.0247			
Placenta	0.0061			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0035			55
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0057			
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0040			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 100

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0051	0.0056	0.9074 1.1021
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513 0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0075	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0030	0.0051	0.5760 1.7362
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0021	0.0137	0.1542 6.4853
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0052	0.0041	1.2701 0.7873
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0060	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0044	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0136	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0061		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0065
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0125

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 101

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0234	0.0026	9.1527 0.1093	5
Brust	0.0077	0.0094	0.8166 1.2245	
Duenndarm	0.0123	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0057	0.0139	0.4142 2.4145	10
Gehirn	0.0015	0.0021	0.7200 1.3890	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0048	0.0129	0.3676 2.7200	
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0052	0.0020	2.5402 0.3937	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0077	1.2605 0.7933	
Muskel-Skelett	0.0069	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0081	0.0137	0.5948 1.6813	
Pankreas	0.0000	0.0166	0.0000 undef	20
Penis	0.0150	0.0800	0.1872 5.3421	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795 0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0118			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0078			30
Zervix	0.0213			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0056			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0408			
Eierstock_n	0.1595			
Eierstock_t	0.0101			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0029			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0130			
Hoden	0.0154			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 102

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0026	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0025	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0015	0.0010	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0073	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0021	0.0000	undef 0.0000
15	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0000	0.0000	undef undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0000	0.0000	undef undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709 0.3256
25	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0030		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN	
	%Haeufigkeit	
50	Brust 0.0204	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0000	
55	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0070	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0000	
	Haut-Muskel 0.0000	
60	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0030	
	Prostata 0.0137	
	Sinnesorgane 0.0000	
65	Uterus_n 0.0083	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 103

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef    0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef    undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef    undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef    undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef    undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef    0.0000	
Gehirn	0.0000	0.0000	undef    undef	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef    undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef    undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef    undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef    undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef    undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef    undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef    undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef    undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef    undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef    undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef    undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef    undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef    undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef    undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef    undef	
Brust-Hyperplasie	0.0000		undef    undef	25
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 104

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0312	0.0051	6.1018 0.1639
	Brust 0.0102	0.0056	1.8147 0.5510
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0180	0.0104	1.7269 0.5791
10	Endokrines_Gewebe 0.0085	0.0176	0.4852 2.0611
	Gastrointestinal 0.0172	0.0046	3.7275 0.2683
	Gehirn 0.0126	0.0123	1.0199 0.9804
	Haematopoetisch 0.0040	0.0758	0.0529 18.8919
	Haut 0.0257	0.0000	undef 0.0000
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0138	0.0275	0.5011 1.9955
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0145	0.0102	1.4225 0.7030
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0206	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0190	0.0137	1.3878 0.7206
	Pankreas 0.0050	0.0110	0.4487 2.2286
	Penis 0.0180	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0087	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0203	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0136	1.1223 0.8911
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0096		
	Prostata-Hyperplasie 0.0149		
	Samenblase 0.0089		
	Sinnesorgane 0.0353		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0036
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0185
	Placenta 0.1030
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0251

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0253
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0192
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskal 0.0324
	Hoden 0.0154
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0151
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0077
65	Uterus_n 0.0208

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 105

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0115	0.0132	0.8750 1.1429	
Duenndarm	0.0092	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0090	0.0052	1.7269 0.5791	
Endokrines_Gewebe	0.0034	0.0050	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0115	0.0000	undef 0.0000	10
Gehirn	0.0030	0.0041	0.7200 1.3890	
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0042	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0000	undef 0.0000	
Muskel-Skelett	0.0051	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0027	0.0068	0.3965 2.5219	
Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0180	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795 0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0064			
Prostata-Hyperplasie	0.0059			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0319			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0028			
Gehirn	0.0125			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0107			
Lunge	0.0108			
Nebenniere	0.0254			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0121			
Prostata	0.0249			45
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0051			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0099			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0259			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0100			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 106

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0312	0.0077	4.0678 0.2458
	Brust 0.0192	0.0019	10.2079 0.0980
	Duenndarm 0.0061	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0060	0.0390	0.1535 6.5146
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0075	0.9057 1.1042
	Gastrointestinal 0.0057	0.0046	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0118	0.0164	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0080	0.0379	0.2117 4.7230
	Haut 0.0184	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0129	0.0000 undef
	Herz 0.0191	0.0275	0.6939 1.4412
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0239	0.0102	2.3370 0.4279
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0307	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0051	0.0240	0.2142 4.6693
20	Niere 0.0081	0.0137	0.5948 1.6813
	Pankreas 0.0033	0.0110	0.2991 3.3428
	Penis 0.0120	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0022	0.0021	1.0236 0.9769
25	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0204	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0320		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0178		
30	Sinnesorgane 0.0118		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0087		
	Zervix 0.0319		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0167
	Gehirn 0.0125
	Haematopoetisch 0.0079
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0213
	Lunge 0.0181
	Nebenniere 0.0507
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.2762

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.0000	
	Eierstock_t 0.0203	
55	Endokrines_Gewebe 0.0245	
	Foetal 0.0198	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0171	
60	Haut-Muskel 0.0000	
	Hoden 0.0000	
	Lunge 0.0082	
	Nerven 0.0161	
	Prostata 0.0137	
65	Sinnesorgane 0.0000	
	Uterus_n 0.0208	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northem für SEQ. ID. NO: 107

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef	0.0000	5
Brust	0.0000	0.0000	undef	undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef	undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef	undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef	undef	
Gehirn	0.0015	0.0000	undef	0.0000	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef	undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef	undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef	undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef	undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef	undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef	undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef	undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef	undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000		undef	undef	
Prostata-Hyperplasie	0.0000				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000				35
Gastrointenstinal	0.0000				
Gehirn	0.0063				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0000				40
Herz-Blutgefaesse	0.0000				
Lunge	0.0000				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0000				
Placenta	0.0000				
Prostata	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0000				

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit				
Brust	0.0000				
Eierstock_n	0.0000				
Eierstock_t	0.0000				
Endokrines_Gewebe	0.0000				55
Foetal	0.0000				
Gastrointestinal	0.0000				
Haematopoetisch	0.0000				
Haut-Muskel	0.0032				
Hoden	0.0000				60
Lunge	0.0000				
Nerven	0.0000				
Prostata	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Uterus_n	0.0000				65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 108

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0038	0.0056	0.6805	1.4694
	Duenndarm 0.0061	0.0165	0.3707	2.6973
	Eierstock 0.0030	0.0052	0.5756	1.7372
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0100	0.1698	5.8889
	Gastrointestinal 0.0096	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0022	0.0103	0.2160	4.6299
	Haematopoetisch 0.0027	0.0758	0.0353	28.3379
	Haut 0.0073	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0042	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0125	0.0061	2.0321	0.4921
	Magen-Speiseroehre 0.0097	0.0000	undef	0.0000
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0000	0.0137	0.0000	undef
	Pankreas 0.0000	0.0221	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0065	0.0021	3.0709	0.3256
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0528	0.0000	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0076	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_allgemein 0.0051	0.0000	undef	0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0032			
	Prostata-Hyperplasie 0.0059			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0118			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0095			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0759
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0057
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0164
	Nerven 0.0000
	Prostata 0.0274
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 109

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0507	0.0179	2.8330 0.3530	5
Brust	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Duenndarm	0.0276	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0270	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0119	0.0075	1.5849 0.6309	
Gastrointestinal	0.0096	0.0046	2.0708 0.4829	10
Gehirn	0.0044	0.0010	4.3198 0.2315	
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000 undef	
Herz	0.0201	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0115	0.0000	undef 0.0000	15
Lunge	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0230	2.5211 0.3967	
Muskel-Skelett	0.0771	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0068	0.0000 undef	
Pankreas	0.0033	0.0221	0.1496 6.6857	20
Penis	0.0210	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0174	0.0106	1.6378 0.6106	
Uterus_Endometrium	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0068	3.3668 0.2970	
Uterus_allgemein	0.0357	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0096			
Prostata-Hyperplasie	0.0149			
Samenblase	0.0534			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0083			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0507			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0242			
Prostata	0.0748			45
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
%Haeufigkeit				
Brust	0.0816			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0041			
Gastrointestinal	0.0244			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0097			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0030			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 110

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0230	0.0038	6.1248	0.1633
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0120	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0136	0.0025	5.4340	0.1840
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0022	0.0031	0.7200	1.3890
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0184	0.0000	undef	0.0000
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0212	0.0137	1.5420	0.6485
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0156	0.0164	0.9526	1.0498
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000	undef
	Muskel-Skelett 0.0069	0.0180	0.3807	2.6265
	Niere 0.0000	0.0000	undef	undef
	Pankreas 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Penis 0.0060	0.0000	undef	0.0000
25	Prostata 0.0000	0.0043	0.0000	undef
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0305	0.0068	4.4891	0.2228
30	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0192			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0235			
35	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000			
	Zervix 0.0532			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0417
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0213
	Lunge 0.0072
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0124
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0249
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0204
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0064
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0162
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0080
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0000
	Uterus_n 0.0125

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 111

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035      0.0819	5
Brust	0.0051	0.0019	2.7221 0.3674	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef    undef	
Eierstock	0.0000	0.0026	0.0000    undef	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792 1.4722	
Gaströintestinal	0.0038	0.0000	undef    0.0000	
Gehirn	0.0022	0.0041	0.5400 1.8520	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef    0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef    undef	
Hepatisch	0.0000	0.0065	0.0000    undef	
Herz	0.0011	0.0137	0.0771 12.9706	
Hoden	0.0000	0.0000	undef    undef	15
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161 0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef    undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef    0.0000	
Niere	0.0081	0.0000	undef    0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991 3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef    0.0000	
Prostata	0.0044	0.0021	2.0473 0.4885	
Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef    0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef    0.0000	
Uterus_allgemein	0.0051	0.0000	undef    0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0009			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointenstinal	0.0000		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0039		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0000		
Lunge	0.0000		
Nebenniere	0.0254		
Niere	0.0124		
Placenta	0.0121		
Prostata	0.0000		45
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0340		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0000		
Endokrines_Gewebe	0.0000		55
Foetal	0.0012		
Gastrointestinal	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0065		
Hoden	0.0000		60
Lunge	0.0082		
Nerven	0.0020		
Prostata	0.0205		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0000		65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 112

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Duenn darm 0.0000	0.0000	undef undef
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef undef
	Gehirn 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0021	0.0137	0.1542 6.4853
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef undef
20	Niere 0.0027	0.0068	0.3965 2.5219
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0030	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0000	0.0021	0.0000 undef
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0032		undef undef
	Prostata-Hyperplasie 0.0000		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0043		
	Zervix 0.0000		
	FOETUS		
35	%Haeufigkeit		
	Entwicklung 0.0000		
	Gastrointenstinal 0.0028		
	Gehirn 0.0000		
	Haematopoetisch 0.0000		
40	Haut 0.0000		
	Hepatisch 0.0000		
	Herz-Blutgefaesse 0.0000		
	Lunge 0.0000		
	Nebenniere 0.0000		
45	Niere 0.0000		
	Placenta 0.0000		
	Prostata 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
50	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
	Brust 0.0000		
	Eierstock_n 0.0000		
55	Eierstock_t 0.0000		
	Endokrines_Gewebe 0.0000		
	Foetal 0.0017		
	Gastrointestinal 0.0122		
	Haematopoetisch 0.0114		
60	Haut-Muskel 0.0065		
	Hoden 0.0154		
	Lunge 0.0082		
	Nerven 0.0000		
	Prostata 0.0000		
65	Sinnesorgane 0.0000		
	Uterus_n 0.0000		

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 113

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0312	0.0026	12.2035      0.0819	5
Brust	0.0102	0.0019	5.4442 0.1837	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0050	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0019	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0037	0.0031	1.1999 0.8334	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0021	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	
Lunge	0.0042	0.0020	2.0321 0.4921	15
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0017	0.0180	0.0952 10.5060	
Niere	0.0054	0.0068	0.7930 1.2610	
Pankreas	0.0017	0.0055	0.2991 3.3428	20
Penis	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0706			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
 FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0167			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0039			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0062			
Placenta	0.0667			
Prostata	0.0249			45
Sinnesorgane	0.0000			
 NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0136			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0203			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0140			55
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 114

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0000	0.0038	0.0000	undef
	Duenndarm 0.0092	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0000	undef	0.0000
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0031	0.2400	4.1669
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0021	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0021	0.0020	1.0161	0.9842
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0000	undef	undef
	Niere 0.0000	0.0068	0.0000	undef
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
30	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samtblase 0.0089			
	Sinnesorgane 0.0000			
35	Weisse_Flutkoerperchen 0.0017			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust	0.0068
	Eierstock_n	0.0000
	Eierstock_t	0.0051
55	Endokrines_Gewebe	0.0000
	Foetal	0.0006
	Gastrointestinal	0.0000
	Haematopoetisch	0.0000
60	Haut-Muskel	0.0000
	Hoden	0.0000
	Lunge	0.0000
	Nerven	0.0000
	Prostata	0.0000
	Sinnesorgane	0.0000
65	Uterus_n	0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 115

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0195	0.0026	7.6272 0.1311	5
Brust	0.0038	0.0019	2.0416 0.4898	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0120	0.0052	2.3025 0.4343	
Endokrines_Gewebe	0.0068	0.0000	undef 0.0000	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0007	0.0051	0.1440 6.9448	10
Haematopoetisch	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0042	0.0137	0.3084 3.2426	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0000	undef 0.0000	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0066	0.0276	0.2393 4.1785	20
Penis	0.0000	0.0267	0.0000 undef	
Prostata	0.0022	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef 0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.0000		undef undef	25
Prostata-Hyperplasie	0.0089			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0035			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0139		35
Gastrointenstinal	0.0028		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0000		
Lunge	0.0036		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0062		
Placenta	0.0121		45
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN		
	%Haeufigkeit		
Brust	0.0000		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0000		
Endokrines_Gewebe	0.0000		55
Foetal	0.0017		
Gastrointestinal	0.0000		
Haematopoetisch	0.0057		
Haut-Muskel	0.0130		
Hoden	0.0000		60
Lunge	0.0000		
Nerven	0.0020		
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0083		65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 116

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0624	0.0204	3.0509 0.3278
	Brust 0.0102	0.0000	undef 0.0000
	Duenndarm 0.0368	0.0165	2.2244 0.4496
	Eierstock 0.0120	0.0026	4.6050 0.2172
10	Endokrines_Gewebe 0.0000	0.0050	0.0000 undef
	Gastrointestinal 0.0556	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0030	0.0041	0.7200 1.3890
	Haematopoetisch 0.0053	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0110	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0190	0.0065	2.9412 0.3400
	Herz 0.0042	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0290	0.0230	1.2605 0.7933
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0027	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0033	0.0110	0.2991 3.3428
	Penis 0.1258	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0479	0.0319	1.5013 0.6661
	Uterus_Endometrium 0.0338	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.1067	0.0272	3.9279 0.2546
	Uterus_allgemein 0.0509	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0128		
	Prostata-Hyperplasie 0.0476		
	Samenblase 0.0267		
30	Sinnesorgane 0.0000		
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0213		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0167
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0118
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0071
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0000
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0499
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0204
55	Eierstock_n 0.1595
	Eierstock_t 0.0000
	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0082
	Gastrointestinal 0.0610
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0342
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0541

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 117

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0000	0.0019	0.0000 undef	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0000	0.0000	undef undef	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0000	undef undef	
Gastrointestinal	0.0000	0.0000	undef undef	
Gehirn	0.0007	0.0000	undef 0.0000	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0000	0.0000	undef undef	
Hoden	0.0000	0.0000	undef undef	15
Lunge	0.0000	0.0000	undef undef	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0000	0.0000	undef undef	20
Penis	0.0000	0.0000	undef undef	
Prostata	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0000			
Sinnesorgane	0.0235			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			
FOETUS				
	%Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0000			35
Gastrointenstinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0000			
Lunge	0.0072			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			45
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN				
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			50
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0000			55
Gastrointestinal	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0000			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0000			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 118

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0156	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0030	0.0026	1.1513	0.8686
10	Endokrines_Gewebe 0.0068	0.0150	0.4528	2.2083
	Gastrointestinal 0.0000	0.0000	undef	undef
	Gehirn 0.0007	0.0051	0.1440	6.9448
	Haematopoetisch 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0065	0.0000	undef
	Herz 0.0064	0.0137	0.4626	2.1618
	Hoden 0.0058	0.0000	undef	0.0000
	Lunge 0.0010	0.0000	undef	0.0000
20	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0017	0.0000	undef	0.0000
	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0110	0.0000	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Prostata 0.0044	0.0064	0.6824	1.4654
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0068	2.2445	0.4455
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0089			
	Samenblase 0.0000			
	Sinnesorgane 0.0000			
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
40	Haematopoetisch 0.0000
	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
45	Nebenniere 0.0000
	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit	
50	Brust 0.0000	
	Eierstock_n 0.1595	
55	Eierstock_t 0.0000	
	Endokrines_Gewebe 0.0000	
	Foetal 0.0006	
	Gastrointestinal 0.0000	
	Haematopoetisch 0.0114	
60	Haut-Muskel 0.0065	
	Hoden 0.0154	
	Lunge 0.0000	
	Nerven 0.0020	
	Prostata 0.0068	
	Sinnesorgane 0.0077	
65	Uterus_n 0.0000	

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 119

NORMAL	TUMOR	Verhaeltnisse			
	%Haeufigkeit	%Haeufigkeit	N/T	T/N	
Blase	0.0819	0.0383	2.1356	0.4682	5
Brust	0.0473	0.0320	1.4811	0.6752	
Duenndarm	0.0460	0.0331	1.3903	0.7193	
Eierstock	0.0539	0.0442	1.2190	0.8204	
Endokrines_Gewebe	0.0494	0.0652	0.7576	1.3199	
Gastrointestinal	0.0805	0.0139	5.7984	0.1725	
Gehirn	0.0451	0.0390	1.1557	0.8653	10
Haematopoetisch	0.0374	0.0379	0.9881	1.0121	
Haut	0.0367	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0190	0.0323	0.5882	1.7000	
Herz	0.0382	0.0825	0.4626	2.1618	
Hoden	0.0173	0.0117	1.4759	0.6775	15
Lunge	0.0384	0.0184	2.0886	0.4788	
Magen-Speiseroehre	0.0580	0.0537	1.0805	0.9255	
Muskel-Skelett	0.0514	0.0240	2.1416	0.4669	
Niere	0.0489	0.0479	1.0196	0.9808	
Pankreas	0.0330	0.0663	0.4986	2.0057	20
Penis	0.0359	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0610	0.0617	0.9883	1.0118	
Uterus_Endometrium	0.2838	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_allgemein	0.0509	0.0000	undef	0.0000	
Brust-Hyperplasie	0.2206				25
Prostata-Hyperplasie	0.0773				
Samenblase	0.0089				
Sinnesorgane	0.0353				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0737				30
Zervix	0.0319				

FOETUS					
	%Haeufigkeit				
Entwicklung	0.0278				35
Gastrointenstinal	0.0361				
Gehirn	0.0125				
Haematopoetisch	0.0157				
Haut	0.0000				
Hepatisch	0.0260				40
Herz-Blutgefaesse	0.0818				
Lunge	0.0325				
Nebenniere	0.0000				
Niere	0.0432				
Placenta	0.0303				
Prostata	0.0000				45
Sinnesorgane	0.0126				

NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN						
	%Haeufigkeit					
Brust	0.0340					
Eierstock_n	0.1595					
Eierstock_t	0.0101					
Endokrines_Gewebe	0.0490					55
Foetal	0.0233					
Gastrointestinal	0.0488					
Haematopoetisch	0.0285					
Haut-Muskel	0.0227					
Hoden	0.0154					
Lunge	0.0164					
Nerven	0.0261					
Prostata	0.1163					60
Sinnesorgane	0.0929					
Uterus_n	0.0416					65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 120

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse	
			N/T	T/N
5	Blase 0.0195	0.0000	undef	0.0000
	Brust 0.0026	0.0038	0.6805	1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef	0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef	undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0025	0.6792	1.4722
	Gastrointestinal 0.0038	0.0000	undef	0.0000
	Gehirn 0.0052	0.0041	1.2599	0.7937
	Haematopoetisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef	undef
15	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef	undef
	Herz 0.0011	0.0000	undef	0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef	undef
	Lunge 0.0000	0.0020	0.0000	undef
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef	undef
	Muskel-Skelett 0.0034	0.0000	undef	0.0000
20	Niere 0.0027	0.0000	undef	0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef	undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef	undef
	Prostata 0.0022	0.0000	undef	0.0000
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
25	Uterus_Myometrium 0.0000	0.0000	undef	undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef	undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000			
	Prostata-Hyperplasie 0.0000			
	Samenblase 0.0000			
30	Sinnesorgane 0.0000			
	Weisse_Blutkoerperchen 0.0026			
	Zervix 0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointestinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0062
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0000
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0070
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 121

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0273	0.0051	5.3391 0.1873	5
Brust	0.0000	0.0000	undef undef	
Duenndarm	0.0031	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0030	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0000	0.0025	0.0000 undef	
Gastrointestinal	0.0038	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0059	0.0041	1.4399 0.6945	10
Haematopoetisch	0.0013	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0000	0.0000	undef undef	
Hepatisch	0.0048	0.0000	undef 0.0000	
Herz	0.0032	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0000	0.0117	0.0000 undef	15
Lunge	0.0052	0.0000	undef 0.0000	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0077	0.0000 undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0000	undef undef	
Niere	0.0000	0.0000	undef undef	
Pankreas	0.0017	0.0000	undef 0.0000	20
Penis	0.0150	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0109	0.0085	1.2795 0.7815	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0076	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef undef	25
Brust-Hyperplasie	0.0000			
Prostata-Hyperplasie	0.0000			
Samenblase	0.0089			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0000			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointenstinal	0.0028		
Gehirn	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0036		
Lunge	0.0036		
Nebenniere	0.0000		
Niere	0.0000		
Placenta	0.0000		45
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0000		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0136		
Eierstock_n	0.1595		
Eierstock_t	0.0051		
Endokrines_Gewebe	0.0245		55
Foetal	0.0035		
Gastrointestinal	0.0000		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut-Muskel	0.0032		
Hoden	0.0077		60
Lunge	0.0000		
Nerven	0.0030		
Prostata	0.0068		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0167		65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 122

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
			N/T      T/N
5	Blase 0.0351	0.0077	4.5763 0.2185
	Brust 0.0077	0.0038	2.0416 0.4898
	Duenndarm 0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0000	undef undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0000	undef 0.0000
	Gastrointestinal 0.0115	0.0093	1.2425 0.8048
	Gehirn 0.0030	0.0021	1.4399 0.6945
	Haematopoetisch 0.0013	0.0000	undef 0.0000
	Haut 0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch 0.0095	0.0000	undef 0.0000
	Herz 0.0233	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge 0.0021	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0077	0.0000 undef
	Muskel-Skelett 0.0103	0.0000	undef 0.0000
20	Niere 0.0054	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0055	0.0000 undef
	Penis 0.0599	0.0000	undef 0.0000
	Prostata 0.0131	0.0149	0.8774 1.1397
	Uterus_Endometrium 0.0068	0.0000	undef 0.0000
25	Uterus_Myometrium 0.0152	0.0340	0.4489 2.2276
	Uterus_allgemein 0.0407	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie 0.0064		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0178		
	Sinnesorgane 0.0118		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0000		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0278
	Gastrointenstinal 0.0139
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0391
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0061
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
50	Brust 0.0136
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0152
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0052
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0000
60	Haut-Muskel 0.0032
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0060
	Prostata 0.0000
65	Sinnesorgane 0.0077
	Uterus_n 0.0083

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 123

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse		
			N/T	T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272	0.1311	5
Brust	0.0064	0.0056	1.1342	0.8817	
Duenn darm	0.0184	0.0000	undef	0.0000	
Eierstock	0.0060	0.0000	undef	0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0050	0.3396	2.9444	
Gastrointestinal	0.0057	0.0000	undef	0.0000	
Gehirn	0.0007	0.0021	0.3600	2.7779	10
Haematopoetisch	0.0040	0.0000	undef	0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef	0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef	undef	
Herz	0.0095	0.0000	undef	0.0000	
Hoden	0.0000	0.0000	undef	undef	
Lunge	0.0021	0.0020	1.0161	0.9842	
Magen-Speiseroehre	0.0193	0.0077	2.5211	0.3967	
Muskel-Skelett	0.0154	0.0060	2.5700	0.3891	
Niere	0.0054	0.0000	undef	0.0000	
Pankreas	0.0000	0.0055	0.0000	undef	20
Penis	0.0210	0.0000	undef	0.0000	
Prostata	0.0044	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef	0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0152	0.0272	0.5611	1.7821	
Uterus_allgemein	0.0000	0.0000	undef	undef	
Brust-Hyperplasie	0.0128				25
Prostata-Hyperplasie	0.0059				
Samenblase	0.0000				
Sinnesorgane	0.0000				
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017				30
Zervix	0.0000				

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0139			35
Gastrointestinal	0.0083			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			
Herz-Blutgefaesse	0.0142			
Lunge	0.0000			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			
Foetal	0.0012			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0065			
Hoden	0.0000			
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0000			
Prostata	0.0000			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0083			65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 124

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N
5	Blase 0.0195	0.0026	7.6272 0.1311
	Brust 0.0013	0.0019	0.6805 1.4694
	Duenndarm 0.0031	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock 0.0000	0.0026	0.0000 undef
10	Endokrines_Gewebe 0.0017	0.0050	0.3396 2.9444
	Gastrointestinal 0.0057	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn 0.0022	0.0021	1.0799 0.9260
	Haematopoetisch 0.0000	0.0379	0.0000 undef
	Haut 0.0000	0.0000	undef undef
	Hepatisch 0.0000	0.0000	undef undef
15	Herz 0.0011	0.0000	undef 0.0000
	Hoden 0.0000	0.0000	undef undef
	Lunge 0.0010	0.0000	undef 0.0000
	Magen-Speiseroehre 0.0000	0.0000	undef undef
	Muskel-Skelett 0.0000	0.0060	0.0000 undef
20	Niere 0.0109	0.0000	undef 0.0000
	Pankreas 0.0000	0.0000	undef undef
	Penis 0.0000	0.0000	undef undef
	Prostata 0.0087	0.0043	2.0473 0.4885
	Uterus_Endometrium 0.0000	0.0000	undef undef
25	Uterus_Myometrium 0:0000	0.0068	0.0000 undef
	Uterus_allgemein 0.0000	0.0000	undef undef
	Brust-Hyperplasie 0.0000		
	Prostata-Hyperplasie 0.0059		
	Samenblase 0.0000		
	Sinnesorgane 0.0000		
30	Weisse_Blutkoerperchen 0.0009		
	Zervix 0.0000		

	FOETUS %Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0000
	Gastrointenstinal 0.0000
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0039
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0260
	Herz-Blutgefaesse 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nebenniere 0.0507
45	Niere 0.0000
	Placenta 0.0000
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit
	Brust 0.0000
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0000
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0006
	Gastrointestinal 0.0000
	Haematopoetisch 0.0000
	Haut-Muskel 0.0162
60	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0040
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000
65	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 125

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0390	0.0051	7.6272 0.1311	5
Brust	0.0153	0.0150	1.0208 0.9796	
Duenndarm	0.0245	0.0000	undef 0.0000	
Eierstock	0.0210	0.0078	2.6863 0.3723	
Endokrines_Gewebe	0.0170	0.0125	1.3585 0.7361	
Gastrointestinal	0.0153	0.0000	undef 0.0000	
Gehirn	0.0126	0.0133	0.9415 1.0622	10
Haematopoetisch	0.0067	0.0000	undef 0.0000	
Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0129	0.0000 undef	
Herz	0.0127	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0115	0.0117	0.9839 1.0163	15
Lunge	0.0114	0.0143	0.7983 1.2526	
Magen-Speiseroehre	0.0097	0.0307	0.3151 3.1733	
Muskel-Skelett	0.0034	0.0060	0.5711 1.7510	
Niere	0.0326	0.0274	1.1896 0.8406	
Pankreas	0.0033	0.0166	0.1994 5.0142	20
Penis	0.0629	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0109	0.0170	0.6398 1.5631	
Uterus_Endometrium	0.0203	0.0000	undef 0.0000	
Uterus_Myometrium	0.0305	0.0068	4.4891 0.2228	
Uterus_allgemein	0.0255	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0256			
Prostata-Hyperplasie	0.0208			
Samenblase	0.0178			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0191			30
Zervix	0.0106			

	FOETUS %Haeufigkeit		
Entwicklung	0.0000		35
Gastrointestinal	0.0111		
Gehirn	0.0063		
Haematopoetisch	0.0000		
Haut	0.0000		
Hepatisch	0.0000		40
Herz-Blutgefaesse	0.0036		
Lunge	0.0072		
Nebenniere	0.0254		
Niere	0.0062		
Placenta	0.0000		45
Prostata	0.0000		
Sinnesorgane	0.0126		

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN %Haeufigkeit		
Brust	0.0000		
Eierstock_n	0.0000		
Eierstock_t	0.0051		
Endokrines_Gewebe	0.0000		
Foetal	0.0076		55
Gastrointestinal	0.0000		
Haematopoetisch	0.0057		
Haut-Muskel	0.0162		
Hoden	0.0077		
Lunge	0.0082		
Nerven	0.0120		60
Prostata	0.0205		
Sinnesorgane	0.0000		
Uterus_n	0.0749		65

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 126

		NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse
				N/T      T/N
5	Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000
	Brust	0.0051	0.0056	0.9074 1.1021
	Duenndarm	0.0184	0.0000	undef 0.0000
	Eierstock	0.0060	0.0104	0.5756 1.7372
10	Endokrines_Gewebe	0.0085	0.0075	1.1321 0.8833
	Gastrointestinal	0.0096	0.0000	undef 0.0000
	Gehirn	0.0059	0.0154	0.3840 2.6043
	Haematopoetisch	0.0080	0.0000	undef 0.0000
	Haut	0.0073	0.0000	undef 0.0000
15	Hepatisch	0.0095	0.0129	0.7353 1.3600
	Herz	0.0201	0.0137	1.4649 0.6827
	Hoden	0.0058	0.0000	undef 0.0000
	Lunge	0.0145	0.0164	0.8891 1.1248
20	Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0230	0.0000 undef
	Muskel-Skelett	0.0017	0.0300	0.0571 17.5100
	Niere	0.0217	0.0068	3.1722 0.3152
	Pankreas	0.0050	0.0000	undef 0.0000
	Penis	0.0210	0.0000	undef 0.0000
25	Prostata	0.0065	0.0021	3.0709 0.3256
	Uterus_Endometrium	0.0135	0.0000	undef 0.0000
	Uterus_Myometrium	0.0457	0.0204	2.2445 0.4455
	Uterus_allgemein	0.0153	0.0000	undef 0.0000
	Brust-Hyperplasie	0.0096		
	Prostata-Hyperplasie	0.0000		
	Samenblase	0.0000		
30	Sinnesorgane	0.0470		
	Weisse_Blutkoerperchen	0.0121		
	Zervix	0.0213		

	FOETUS
	%Haeufigkeit
35	Entwicklung 0.0139
	Gastrointenstinal 0.0056
	Gehirn 0.0000
	Haematopoetisch 0.0157
40	Haut 0.0000
	Hepatisch 0.0000
	Herz-Blutgefaesse 0.0213
	Lunge 0.0217
	Nebenniere 0.0254
45	Niere 0.0185
	Placenta 0.0121
	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0000

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN
	%Haeufigkeit
50	Brust 0.0068
	Eierstock_n 0.0000
	Eierstock_t 0.0101
55	Endokrines_Gewebe 0.0000
	Foetal 0.0210
	Gastrointestinal 0.0122
	Haematopoetisch 0.0057
	Haut-Muskel 0.0259
	Hoden 0.0000
	Lunge 0.0000
	Nerven 0.0020
60	Prostata 0.0000
	Sinnesorgane 0.0387
	Uterus_n 0.0000

# DE 198 18 620 A 1

Elektronischer Northern für SEQ. ID. NO: 127

	NORMAL %Haeufigkeit	TUMOR %Haeufigkeit	Verhaeltnisse N/T      T/N	
Blase	0.0156	0.0000	undef 0.0000	5
Brust	0.0090	0.0019	4.7637 0.2099	
Duenndarm	0.0000	0.0000	undef undef	
Eierstock	0.0240	0.0000	undef 0.0000	
Endokrines_Gewebe	0.0017	0.0025	0.6792 1.4722	
Gastrointestinal	0.0000	0.0046	0.0000 undef	
Gehirn	0.0037	0.0010	3.5998 0.2778	10
Haematopoetisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Haut	0.0037	0.0000	undef 0.0000	
Hepatisch	0.0000	0.0000	undef undef	
Herz	0.0074	0.0000	undef 0.0000	
Hoden	0.0058	0.0234	0.2460 4.0652	15
Lunge	0.0010	0.0061	0.1693 5.9051	
Magen-Speiseroehre	0.0000	0.0000	undef undef	
Muskel-Skelett	0.0000	0.0060	0.0000 undef	
Niere	0.0027	0.0000	undef 0.0000	
Pankreas	0.0017	0.0110	0.1496 6.6857	20
Penis	0.0090	0.0000	undef 0.0000	
Prostata	0.0044	0.0064	0.6824 1.4654	
Uterus_Endometrium	0.0000	0.0000	undef undef	
Uterus_Myometrium	0.0229	0.0136	1.6834 0.5940	
Uterus_allgemein	0.0102	0.0000	undef 0.0000	25
Brust-Hyperplasie	0.0032			
Prostata-Hyperplasie	0.0119			
Samenblase	0.0267			
Sinnesorgane	0.0000			
Weisse_Blutkoerperchen	0.0017			30
Zervix	0.0000			

	FOETUS %Haeufigkeit			
Entwicklung	0.0139			35
Gastrointestinal	0.0000			
Gehirn	0.0000			
Haematopoetisch	0.0079			
Haut	0.0000			
Hepatisch	0.0000			40
Herz-Blutgefaesse	0.0071			
Lunge	0.0036			
Nebenniere	0.0000			
Niere	0.0000			
Placenta	0.0000			
Prostata	0.0000			45
Sinnesorgane	0.0000			

	NORMIERTE/SUBTRAHIERTE BIBLIOTHEKEN			
	%Haeufigkeit			
Brust	0.0000			
Eierstock_n	0.0000			
Eierstock_t	0.0000			
Endokrines_Gewebe	0.0000			55
Foetal	0.0000			
Gastrointestinal	0.0122			
Haematopoetisch	0.0000			
Haut-Muskel	0.0000			
Hoden	0.0000			60
Lunge	0.0082			
Nerven	0.0010			
Prostata	0.0205			
Sinnesorgane	0.0000			
Uterus_n	0.0042			65

# DE 198 18 620 A 1

## 2.2 Fisher-Test

Um zu entscheiden, ob eine Partial-Sequenz S eines Gens in einer Bibliothek für Normal-Gewebe signifikant häufiger oder seltener vorkommt als in einer Bibliothek für entartetes Gewebe, wird Fishers Exakter Test, ein statistisches Standardverfahren (Hays, W. L., (1991) Statistics, Harcourt Brace College Publishers, Fort Worth), durchgeführt.

Die Null-Hypothese lautet: die beiden Bibliotheken können bezüglich der Häufigkeit zu S homologer Sequenzen nicht unterschieden werden. Falls die Null-Hypothese mit hinreichend hoher Sicherheit abgelehnt werden kann, wird das zu S gehörende Gen als interessanter Kandidat für ein Krebs-Gen akzeptiert, und es wird im nächsten Schritt versucht, eine Verlängerung seiner Sequenz zu erreichen.

10

### Beispiel 3

#### Automatische Verlängerung der Partial-Sequenz

15 Die automatische Verlängerung der Partial-Sequenz S vollzieht sich in drei Schritten:

1. Ermittlung aller zu S homologen Sequenzen aus der Gesamtmenge der zur Verfügung stehenden Sequenzen mit Hilfe von BLAST.
- 20 2. Assemblierung dieser Sequenzen mittels des Standardprogramms GAP4 (Bonfield, J. K., Smith, K. F., und Staden R. (1995), Nucleic Acids Research 23 4992-4999) (Contig-Bildung).
3. Berechnung einer Konsens-Sequenz C aus den assemblierten Sequenzen.

25 Die Konsens-Sequenz C wird im allgemeinen länger sein als die Ausgangssequenz S. Ihr elektronischer Northern-Blot wird demzufolge von dem für S abweichen. Ein erneuter Fisher-Test entscheidet, ob die Alternativ-Hypothese der Abweichung von einer gleichmäßigen Expression in beiden Bibliotheken aufrechterhalten werden kann. Ist dies der Fall, wird versucht, C in gleicher Weise wie S zu verlängern. Diese Iteration wird mit der jeweils erhaltenen Konsensus-Sequenzen  $C_i$  (i: Index der Iteration) fortgesetzt, bis die Alternativ-Hypothese verworfen wird (if  $H_0$  Exit; Abbruchkriterium I) oder bis keine automatische Verlängerung mehr möglich ist (while  $C_i > C_{i-1}$ ; Abbruchkriterium II).

30 Im Fall des Abbruchkriteriums II bekommt man mit der nach der letzten Iteration vorliegenden Konsens-Sequenz eine komplette oder annähernd komplett Sequenz eines Gens, das mit hoher statistischer Sicherheit mit Krebs in Zusammenhang gebracht werden kann.

Analog der oben beschriebenen Beispiele konnten die in der Tabelle I beschriebenen Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe gefunden werden.

35 Ferner konnten zu den einzelnen Nukleinsäure-Sequenzen die Peptidsequenzen (ORF's) bestimmt werden, die in der Tabelle II aufgelistet sind, wobei wenigen Nukleinsäure-Sequenzen kein Peptid zugeordnet werden kann und einigen Nukleinsäure-Sequenzen mehr als ein Peptid zugeordnet werden kann. Wie bereits oben erwähnt, sind sowohl die ermittelten Nukleinsäure-Sequenzen, als auch die den Nukleinsäure-Sequenzen zugeordneten Peptid-Sequenzen Gegenstand der vorliegenden Erfindung.

40

45

50

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

TABELLE I

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit / Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenzen in Basen	Chromosomale Lokalisation
1	99.65	H.sapiens rap1b	193	1722	
2	100	Human zinc finger transcription factor hEZ/F (EZF) Homolog	235	1187	
3	99.42	Homo sapiens mRNA for phosphatidic acid phosphatase 2a	221	1478	
4	99.98	H.sapiens mRNA for G protein-coupled receptor Edg-2	211	411	
5	97.54	H.sapiens mRNA for aminopeptidase	167	1775	
6	99.93	Homo sapiens secreted apoptosis related protein	252	3181	
7	99.85	Human monocytic leukaemia zinc finger protein (MOZ)	209	1964	
8	99.61	Homo Sapiens angiotsins II receptor	233	1702	
9	99.2	Human mRNA for RNA helicase (RRH1)	230	2067	
10	96.57	Human Hep27 protein Homolog	219	1302	
11	96.09	H.sapiens mRNA for putative progesterone binding protein	211	1254	
12	98.99	H.sapiens rhoB	236	2548	
13	99.77	Human skeletal muscle LIM-protein SLM1	210	1673	
14	99.85	Human LIM domain protein CLP-36	247	1593	
15	99.98	Human TRPM-2	124	572	
16	99.74	Human calmodulin-1 (CALM1)	210	2520	
17	99.2	H.sapiens dermatopontin mRNA	216	1722	
18	96.56	Homo sapiens phosphoglucomutase-related protein (PGM/RP)	226	1648	
19	96.3	Human mRNA for alpha-actinin	206	1102	
20	95.44	Human nucleic acid binding protein	94	1610	
21	99.03	H.sapiens mRNA for GAS-3	304	1108	
22	97.54	Human small nuclear ribonucleoprotein (U1-70K)	275	675	
23	99.99	H.sapiens mRNA for telokin Homolog	350	350	
24	99.06	Rat growth and transformation-dependent mRNA	152	746	
25	99.61	unbekannt	217	217	
26	100	S.pombe chromosome I cosmid c18G6	248	392	
27	99.94	unbekannt	239	1796	
28	100	O.mykiss mRNA for myosin heavy chain	246	575	
29	98.21	unbekannt	245	2927	
30	99.85	unbekannt	233	743	
31	99.61	unbekannt	253	1667	
32	98.22	unbekannt	249	249	
33	99.03	Plasmodium falciparum DNA from contig 4-67	249	1246	
34	97.54	Arabidopsis thaliana chromosome 1 BAC F17O7	215	215	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomal Lokalisation
35	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid F09E5	221	734	
36	99.03	Rattus norvegicus ljun dimerization protein 2 (fdp-2)	140	314	
37	97.54	G.gallus mRNA for RING zinc finger	196	1839	
38	96.57	Rattus norvegicus cytoplasmic dynein intermediate chain 2c	188	1931	
39	99.03	C.sativus mRNA for lipoygenase	186	294	
40	97.54	P.falciparum complete gene map of plastid-like DNA (IR-B)	227	882	
41	98.22	unbekannt	179	179	
42	97.54	unbekannt	238	238	
43	97.54	Xenopus laevis RNA binding protein Etr-3 (etr-3)	307	934	
44	99.03	unbekannt	220	231	
45	99.99	unbekannt	217	669	
46	97.54	unbekannt	208	240	
47	99.85	unbekannt	228	228	
48	99.85	unbekannt	229	1229	
49	97.54	Drosophila melanogaster Dfz2	281	750	
50	97.54	unbekannt	223	231	
51	97.54	Human (c-myb) Homolog	221	1340	
52	99.94	Ovis aries putative G-protein linked receptor (edg-2)	211	226	
53	99.03	unbekannt	234	611	
54	99.03	Mus musculus Hsp70-related NST-1 (hsr.1)	204	689	
55	99.61	Homo sapiens mRNA for Cdc42-interacting protein 4 (CIP4) Homolog	270	560	
56	97.54	unbekannt	149	851	
57	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid D2021	225	1354	
58	98.22	unbekannt	218	268	
59	99.85	Caenorhabditis elegans cosmid K07A12	217	752	
60	97.54	unbekannt	219	1389	
61	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid T09A5	94	726	
62	97.54	unbekannt	205	681	
63	99.06	Saccharomyces cerevisiae chromosome VII cosmid 9780	244	1116	
64	97.54	unbekannt	226	226	
65	99.03	Homo sapiens excision and cross link repair protein (ERCC4), Homolog	216	806	
66	98.22	unbekannt	241	241	
67	99.99	unbekannt	226	226	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Lokalisation Chromosome
68	99.03	Chicken pro-alpha-2(I) collagen gene, g+c rich intron	139	151	
69	100	unbekannt	226	2042	
70	99.61	unbekannt	147	147	
71	99.61	unbekannt	143	143	
72	99.97	unbekannt	219	2980	
73	97.54	unbekannt	227	227	
74	99.03	unbekannt	246	246	
75	97.54	Rat mRNA for V-1 protein	222	773	
76	100	unbekannt	293	293	
77	99.06	Caenorhabditis elegans cosmid F13G3	215	870	
78	97.54	A.vinelandii nitrogen fixation genes U, S, and V	237	237	
79	99.98	unbekannt	439	439	
80	99.97	Human BAC clone GS306C12 from 7q21-q22	219	2483	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
81	97.54	unbekannt	200	202	
82	99.99	unbekannt	220	353	
83	99.2	unbekannt	223	1039	
84	99.03	unbekannt	214	270	
85	97.54	unbekannt	330	330	
86	96.57	Mouse epithelial zinc-finger protein EZF (Zie)	235	235	
87	97.54	unbekannt	189	189	
88	97.54	Human unknown protein mRNA within the p53 intron 1 Homolog	168	866	
89	97.54	unbekannt	224	224	
90	99.94	Homo sapiens chromosome 16 BAC clone CTT987SK-815A9	231	846	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
91	97.54	Human Chromosome 11 Cosmid cSRL16b6	221	223	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
92	98.21	Mouse mRNA for MyD118, a myeloid differentiation primary response gene	204	1374	
93	99.61	Homo sapiens chromosome +16p11.2 BAC clone CTT987SK-A-575C2	224	761	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
94	96.09	unbekannt	225	1825	
95	99.85	Homo sapiens (clone exon trap b207) chromosome 16p13.3	240	1374	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
96	99.03	Caenorhabditis elegans cosmid T15B7	194	2615	

Sequenz ID No.:	Wahrscheinlichkeit für eine spezifische Expression im Tumorgewebe %	Identisch mit /Homolog zu	Länge des Ausgangs-EST in Basen	Länge der angemeldeten Sequenz in Basen	Chromosomal Lokalisation
97	99.03	Canis familiaris Sec61-complex gamma-subunit	233	508	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
98	97.54	Human DNA sequence from PAC 187/N21 on chromosome 6p21.2-6p21.33	197	3588	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
99	99.65	Xenopus laevis mRNA for 146 kDa nuclear protein	197	1218	
100	97.54	unbekannt	125	1303	
101	98.22	Caenorhabditis elegans FER-1 (fer-1)	211	2333	
102	97.54	unbekannt	211	1377	
103	97.54	unbekannt	223	315	
104	98.21	unbekannt	219	2355	
105	97.54	unbekannt	245	1339	
106	96.87	Genomic sequence from Human 13	204	3751	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
107	97.54	unbekannt	220	300	
108	99.03	unbekannt	210	1465	
109	97.68	Homo sapiens DNA from chromosome 19-cosmid F259g65	216	1488	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu
110	97.54	unbekannt	231	783	
111	99.65	unbekannt	212	1045	
112	97.54	unbekannt	225	1386	
113	99.65	unbekannt	151	1747	
114	97.54	Mouse hexamer repeat sequence (s7) homologous to Drosophila 'period' gene	252	1526	
115	96.09	unbekannt	210	1205	
116	98.94	unbekannt	209	3968	
117	97.54	Caenorhabditis elegans cosmid R08D7	220	798	
118	97.54	unbekannt	297	1068	
119	97.39	unbekannt	303	4584	
120	99.03	Rattus norvegicus AKAP95	243	982	
121	96.57	Sus scrofa mRNA for 17-kDa PKC-potentiated inhibitory protein of PP1	253	742	
122	98.35	unbekannt	310	2330	
123	99.74	Bos taurus supervillin	282	1860	
124	96.09	B. taurus mRNA for bovine vacuolar ATPase subunit A	301	807	
125	99.74	unbekannt	303	1932	
126	97.54	Thermomonospora curvata protein kinase PkwA (pkwA)	281	3024	
127	97.54	Human DNA sequence from cosmid V857G6, between markers DXS366 and DXS87 on chromosome X	300	505	s. Spalte Identisch mit /Homolog zu

## DE 198 18 620 A 1

TABELLE II

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
24	128	5
	129	
3	130	10
25	131	
	132	15
	133	
26	134	
	135	20
	136	
27	137	
	138	
	139	25
28	140	
	141	
	142	30
29	143	
30	144	
	145	35
	146	
	147	
	148	
31	149	40
	150	
	151	
	152	45
32	153	
	154	
	155	50
33	156	
	157	
34	158	55
	159	
	160	
35	161	60

65

## DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
35	162
	163
36	164
	165
	166
37	167
38	168
39	169
	170
	171
40	172
	173
	174
41	175
	176
	177
42	178
	179
	180
43	181
44	182
	183
	184
45	185
	186
	187
46	188
	189
	190
47	191
	192
	193
48	194
	195
	196
49	197

## DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
49	198	5
	199	
50	200	10
	201	
	202	
51	203	15
	204	
	205	
52	206	20
	207	
	208	
53	209	25
54	210	
55	211	
56	212	
	213	30
	214	
57	215	
58	216	35
	217	
	218	
59	219	40
60	220	
	221	
	222	
	223	45
61	224	
	225	
62	226	50
	227	
	228	
63	229	55
64	230	
	231	
	232	
65	233	60

65

DE 198 18 620 A 1

	DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
5	66	234
		235
		236
10	67	237
		238
		239
15	68	240
		241
		242
20	69	243
		244
25	70	245
		246
		247
30	71	248
		249
		250
35	72	251
		252
		253
40	73	254
		255
		256
45	74	257
		258
		259
50	75	260
	76	261
		262
		263
55	77	264
	78	265
		266
60	79	267
	80	268
		269

## DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
80	270	5
81	271	
	272	10
	273	
82	274	
	275	15
	276	
83	277	
	278	
	279	20
84	280	
	281	
	282	25
85	283	
	284	
	285	30
86	286	
	287	
	288	
87	289	35
	290	
	291	
88	292	40
	293	
	294	
89	295	45
	296	
	297	
90	298	50
	299	
	300	
91	301	55
	302	
	303	
92	304	60
93	305	

65

## DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
	306
94	307
95	308
	309
	310
96	311
	312
97	313
	314
	315
98	316
	317
	318
99	319
100	320
	321
101	322
102	323
	324
	325
103	326
	327
	328
104	329
	330
	331
105	332
	333
106	334
	335
	336
107	337
	338
	339
108	340
	341

## DE 198 18 620 A 1

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.	
108	342	5
109	343	
	344	
	345	10
110	346	
	347	
111	348	15
	349	
	350	
112	351	20
	352	
	353	
113	354	25
114	355	
	356	
	357	30
115	358	
	359	
	360	
116	361	35
	362	
	363	
	364	40
117	365	
	366	
	367	45
118	368	
	369	
	370	50
119	371	
	372	
120	373	55
	374	
121	375	
122	376	60
	377	

65

DNA-Sequenzen Seq. ID. No.	Peptid-Sequenzen (ORF's) Seq. ID. No.
122	378
123	379
	380
	381
124	382
	383
	384
125	385
	386
	387
126	388
127	389
	390

Die erfundenen Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 der ermittelten Kandidatengruppe und die ermittelten Aminosäure-Sequenzen Seq. ID No. 128-390 werden in dem nachfolgenden Sequenzprotokoll beschrieben.

30

## Sequenzprotokoll

## (1) ALLGEMEINE INFORMATION:

35

## (i) ANMELDER:

- (A) NAME: metaGen - Gesellschaft für Genomforschung mbH
- (B) STRASSE: Ihnestrasse 63
- (C) STADT: Berlin
- (D) LAND: Deutschland
- (E) POST CODE (ZIP): D-14195
- (F) TELEFON: (030)-8413 1673
- (G) TELEFAX: (030)-8413 1674

45

50

(ii) TITEL DER ERFINDUNG: Menschliche Nukleinsäure-Sequenzen aus Blasennormalgewebe

(iii) Anzahl der Sequenzen: 390

55

## (iv) COMPUTER READABLE FORM:

- (A) MEDIUM TYPE: Floppy disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (EPO)

60

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 1:

65

# DE 198 18 620 A 1

**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

**(ii) MOLEKÜLTYP:** aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10

**(iii) HYPOTHETISCH:** NEIN

15

**(iii) ANTI-SENSE:** NEIN

**(vi) HERKUNFT:**

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

**(vii) SONSTIGE HERKUNFT:**

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

**(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:1**

```

cgttgaagta gatgcacaac agtgttatgct taaaatctt gatactgcag gaacggagca 60
atttacagca atgagggatt tatacatgaa aaatggacaa ggatttgcatt tagtttatttc 120
catcacagca cagttccacat ttaacgattt acaagacctg agagaacaga ttcttcgagt 180
taaagacact gatgtatgttc caatgattct tggggtaat aagtgtact tggaaagatgta 240
aagagttgta gggaggaaac aagtcaaaa tctagcaaga caatggaaaca actgtgcatt 300
cttagaatct tctgcaaaaat caaaaataaa tggtaatgag atctttatg acctagtgcc 360
gcaaattaac agaaaaactc cagtgccctgg gaaggctcgc aaaaagtcat catgtcagct 420
gcttaatat actaaatgca ttgttagctt gagccaggc tgaagaactg ttgcccatt 480
caacagtgcc agcattccaa ctttggtaaa cctaccaaca tcttaaatgg actttccctgt 540
gggtgtaccc tttaagggc ggatggaaac tactatatac gtttgcacat tctaattact 600
ttccagttat acaagagaga tttttactta tataatagtc cttagtttgc cagctggtaa 660
aaccagaggc tacatccagt attactgcta agagacatc ttcatccacc aatgttgta 720
atgtatgaaa atgggtgtact gtatacttta acatggccca tactttgtat tggagagttac 780
aataatgtaa atcctaaaag caccactatt ttagcataat aaaagaaagt ccaaagagot 840
ccttatataga ctactccaga taacttcgct tctttgatac ttgttagctt ttgtatattt 900
tttaagaaaa ttcaaggcata ttattattgt acaaaaataag cgctttgatt aacacagota 960
tatagtttt ttaattttta aaaaacctgt ggagacgggt atctttgtctt taaaacatgaa 1020
tagtcctttc agtataatgt ctttagattaa agacgttgc ttaatattct gttgggaagg 1080
aaatgtccag acttttcaaa tctcttattat tatgtttctt tttttgttt acatagggaa 1140
caatgtttat agtcgtgtgt acagtggggc tctacaacaa gaagtgtata ttttcaaaca 1200
atltttaat gatataacaa tttttgtaaa tcattttcag gcttctgcag ctgttagattc 1260
tcactgtgaa tcccttgcgtt gctcatgcatt aagtgtat ttttgcacccaa atatacagg 1320
tttagtatttt tgccctgttag tgatttttc acatgtgtaa cgttttgggtt gagatgttaa 1380
atgggtggacg agtactgtgg atgtgaatgt gggaaagttaat ttaatcata tggtaattgt 1440
cacaaggcct aatttgcagt aacttattgtt acaatgcctt gttgctttgt 1500
atgcattat gtttggatgt aaagattgtt ttttttttttccaa acaggggagcc acagtatttt 1560
aaatgaccaa ctaatgtta caactactt ggggtggccaa aatgtaaact aaaaggccta 1620
attnaaagtgg tgcaattttg tataacttag catcagtttgc tcaataaaat tggattgcca 1680
tgcaaggcgt tgcattataa aaaaaacaa aaaaaaaaaaa aa 1722

```

30

35

40

45

50

55

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 2:**

60

**(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:**

- (A) LÄNGE: 1187 Basenpaare

65

# DE 198 18 620 A 1

- 5                   (B) TYP: Nukleinsäure  
                 (C) STRANG: einzel  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

10               (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

15               (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20               (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25               (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

30               (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35               (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:2

40               cggtcgagg aggccgtctc ttctgtcacc cacttggcg ctggacccccc tctcagcaat 60  
45               ggccacccggc cggctgcaca cgacttcccc ctggggcggc actccccgc aggactaccc 120  
50               cgaccctggg tcttgaggaa gtgctgagca gcaggggactg tcaccctgcc ctgcccgttc 180  
55               ctcccggtt ccataccccc acggggccca attaccatc cttccgtcccc gatcagatgc 240  
60               agccgaagt cccggccgtc cattaccaag agctcatgcc acccggttcc tgcatgccag 300  
65               aggagcccaa gccaaagagg ggaagacgt cgtggccccc gaaaaggacc gccacccaca 360  
70               cttgtgatta cgccggctgc ggcaaaacct acacaaagag ttcccatctc aaggcacacc 420  
75               tgcgaaccca cacaggttag aaaccttacc actgtgactg ggacggctgt ggatggaaat 480  
80               tcgcccgtc agatgaactg accaggcact accgtaaaca cacggggcac cgcccggttcc 540  
85               atgcggaaaa atgcgaccga gcattttcca ggtcgccaca cctccgcctta cacaatgaa 600  
90               ggcattttta aatcccgac agtggatatg accccacactg ccagaagaga attcagtatt 660  
95               ttttactttt cacaactgtct tcccgatgag ggaaggagcc cagccagaaa gcaactacaat 720  
100              catggtaag ttcccaactg agtcatctt tgagtggata atcagggaaa atgaggaatc 780  
105              caaaagacaa aaatcaaaga acagatgggg tctgtgactg gatcttctat cattccaaat 840  
110              ctaaatccga cttgaatatt cctggactt caaaatgcca aggggggtgac tggaaagtgt 900  
115              ggatatcagg gtataaatta tatccgttag ttgggggagg gaagaccaga attcccttga 960  
120              attgttatt gatgcaatat aagcataaaa gatcacccctt tattttctaaat 1020  
125              agcattatt atgtatgttag aagaagagag agaaatttcgt gtacagaaaa ccatgtttaaat 1080  
130              atagcctaatt gatgggtttt gtgagcttgg tcctaaagggt cccacaagg gagccaaagg 1140  
135              ttttaactgc tggatccctt gcaaggggaa atctgtgttt ttttccg 1187

50               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 3:

- 55               (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
                 (A) LÄNGE: 1478 Basenpaare  
                 (B) TYP: Nukleinsäure  
                 (C) STRANG: einzel  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

60               (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65               (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

# DE 198 18 620 A 1

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:3

gcgaacccgc ggcgtccccg .gtcctgcgtc gcccagcggg agggctgga ccccgcgttc	60	15
ctctccctg cggccccca tccttaaagc gagatctgg aecccccgc tggggagag 120		
agcgccggga tccggacggg gagaaccgg ggcaggcgt gccgctgag gaggctctga 180		
ggttacagag ctggccggc tggcacacga gcgccttggc actaacccag tttcgggg 240		
ggttgtgagg ggaggggccc gggccatt gctggcggtg ggagcggcgc cggcttcag 300		
cccgccctcg gctgctctcc tcctccggc gggagggggcc gtactcggt gccgtcgcca 360		
gccccggccc gggctcgaga atcaaggggc tcggccggc tcccgcatc cagtccatcg 420		
cccttgcggc gcagccggg cagagaccat gtttacaag acggcgctgc cgtacgtggc 480		
cctcgtatgtc ctctcggtg tgctggctgg attgccttt gcaattctt cttcaaggca 540		
taccccttc caacgaggag tattctgtaa tgatgagttc atcaagtacc ttacaaga 600		
agacaccata ctttatgcgt tatttaggtgg aataatcatt ccattcagta ttatcgttat 660		25
tattcttggc gaaacctgt ctgttactg taacctttt cactcaaatt ctttatcag 720		
gaataactac atagccacta ttacaaaagc cattggaaacc tttttatgg gtgcagctgc 780		
tagtcgtcc ctgactgaca ttgccaagta ttcaataggc agactgcggc ctcacttctt 840		
ggatgtttgt gatccagatt ggtcaaaaat caactgcagc gatggttaca ttgaataacta 900		
catatgcga gggatgcag aaagagttaa ggaaggcagg ttgtcccttctt attcaggcca 960		
ctttcggtt tccatgtact gcatgctgtt tggtggactt tatcttcaag ccaggatga 1020		
gggagactgg gcaagactct tacccccac actgcaattt ggttttgg cgatccat 1080		
ttatgtggc ctttctcgag ttctgtttaaa taaacaccac tggagcgtat tggtactgg 1140		
actcatttcg ggagctctgg ttgcaatatt agttgctgtatgatgatcgg atttcttcaal 1200		
agaaagaact tttttaaaag aaagaaaaaga ggaggactct catacaactc tgcatgaaac 1260		
accaacaact gggaaatact atccgagcaa tcaccagct tggaaaggcag cagggtgcc 1320		
agtgaaagct ggcctgtttt ctaaaggaaa atgattgcca caaggcaaga gggatgcac 1380		
tttcttctg ggtgtacaag ccctttaaa gaccttctgc tggctgcgtat gcctcttggal 1440		
atgcacagtt gtgtgtaaaca gagttacatt aactcgtg 1478		40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 4:

45

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 411 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:4

10 ggcacatttc cgggggttttgc cggggcccccgc gatgttttcc agagctttc aagtgggaag 60  
aggagagcga caacgtgaaa atgccccgtg cggggcgctc caccggagtc ctgccagctg120  
tccggcgctg gggtgacgt ctgatttatg aagctcccca tccacctatc tgagtacctg180  
acttctcagg actgacaccc acagcatcag gtacacagct tctcttagca tgacttcgat240  
ctgatcagca aacaagaaaa ttgtctccc gtatgtctgg ggcgtgttca ccacctacaa300  
ccacagagct gtcatggctg ccatctctac ttccatccct gtaatttcac agccccagtt360  
cacagccatg aatgaaccac atgtctcta caacgagtcc attgccttct 411

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 5:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1775 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5

50 aaaatcctat gatagtataa ctttgcataa gcctactgaa tgataggaaa gtttttagtt 60  
tcttatcaaa gaaagagaat aaagtgtttt ttttttttcag tttcacattg acatttttat 120  
taacgccaac tggggggtaa ttatttttt aaaacaatag cacaaaaatg tttcaaggaa 180  
gcagtctcac aatctgtga cttctgaaa taccgttaag ccacacccaa tatgaatttc 240  
tgttaataac aaaaaatatt tttttaagaa aaaaagaaaaaaa aaaaaggttagg gaaagaagaa 300  
gggaatgaga ttttagattha aaactcattg gattaatag gtgaggctta ttatgtggat 360  
atactgttga agcaaacagt ggacacacaca ggcttacagt cttttttt taaaccagg 420  
accactaatg tattaagccc tgcagcagtt accactgact tctcgcacgc ataaaaatgaa 480  
ccgggagaag ccagtgtga tactgttg aagaggttca agactggct tttcagacaaa 540  
ctaagaccat ttttagcaga ataactcctt cagaaaggcc tggctgaaga ttttttttatt 600  
tctattgtct cacctatata aatttcaggg ttcttataag tcatactttaa aaagaaaaaaa 660  
ataatgtata tcagtttctt ttatTTTaaTg tggctatgaa agatgtttcc ttatTTTTC 720  
ttcatctcta agaaggacac cagggaaatgg gggttggggg tggactaaa gggaggaaaa 780  
aaaccagaac aggtagttttt gctttttgtt tttttttggc caaggggtcg 840  
gtcacacaga agggaaaggca aggaggaaaa ctaaaactaca atcctiggtt cagattgagt 900  
tatgcaggaa tatatcttcc tgatcagtcc ccgtgccaaa aaaaaaaaaa gccacttgga 960  
attatgcact gactccaaatc atgtgataacc agctatcagc cttttgtgtt taaccattcc1020

DE 198 18 620 A 1

cagaaatgga caccaccctt ggctttatag gtccttgca gaacccactt cacaaaaatgl090  
ctcttcaccca agaacgcctc agtttcctt tggtaggtt taaaacaga acatctgtca1140  
ttaacagtag agtgtttaat acttttaacc actgacaagg cttcagaaag ttccacagttl200  
tcgttatgct ctatttatt actatcatat ttacatttt atttttttatt tatttttgc1260  
tgaattgtg atttccctt ttcaatagaa tttaattctg gagtgtagc aggaaccagt1320  
taactacatt cattgtccaa cccccactgg ttgaaagaa gactccaaat tcttgcatal380  
tgaatcgct gttcggtagc tccacctt ccctgcagcg aagcagcaga accgccta1440  
gcggcacctc aggattcaca ctgtgggtgg tgaggccctc cgctgaagg ggtactggtl500  
gatgctctca gcatctcgct ttagccaggc agcattcagc agaatattt cacaacactg1560  
ctggatggta cgctcagctg aaggagctgg gtgactctcg aagaaaagcct taacctctcc1620  
agccatttt tcaactgcaa atccctcaac tgatactgc aaaacaatgg tttaaacag1680  
taagtgaac caagaggctg agaacaaact tccatttacc ctaaaaataa ataaatataa1740  
tgtcgcaaggc ccccaatata atagtagtag gggga 1775

16

10

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 6:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

20

- (A) LÄNGE: 3181 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

35

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

40

- #### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6

45

50

55

60

25

DE 198 18 620 A 1

3181

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 7:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1964 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:7

gcaacatgtc tgccaccaac attggcattc ctcacacgca gagattgcaa gggcaaatgc 60  
 cagtgaagg gcacatttcc atccgttcca agtctgcgcc actqccctct gcccgtgtc 120  
 accagcaga gctgtatggc ctagccccat cggcagggtc catgcaggct gcccctcg 180  
 cactggctgt tcagcgtggc atgaacatgg gggtaatct gatgcctact cccgcctata 240  
 atgtcaattt catgaatatg aacacccatgaa atgccatgaa cagctatcga atgacacagc 300  
 ccatgtgaa cagcagttac catagtaacc ctgcctacat gaaccagaca gcacagtata 360  
 ctatgcagat gcagatggga atgatgggga gccaggccia taccacagcag cctatgcagc 420  
 ctaaccctca tgggaacatg atgtacacag gccctccca tcacagctac atgaacgcgtg 480  
 ctggcgtgcc caagcgtca ctcaacccgac cttacatgag aagatgagca agatgaactt 540  
 gcaatcaaaa acttaaatatataaaatg aggAACCTT tataactgaca aaccagagaa 600  
 aaatggaccc ttttcagtt aaaatatttg ttagatgatgatggaaatttt ttcttgggtt 660  
 attttatttt ttagaaaaacc tgatcttc tttttttggg ttcatatgt tctgggtttt 720  
 gtttttcttc acaatcttga acattttaca gttagaactca tctaaaaatg gatttgggga 780  
 tggggaaaca tgcacaaaaat ctttcataa tttaaagag cttactttc ttacatacc 840  
 acatggacag aatttgtgt a aagtgaatt atctttat taaaatgtat gtttccctc 900  
 actgtttgca gctcccaatg ttgtcatttt taaaatgttat atacatctca agggtaacc 960  
 agaccctttc ctccaaaccc aacctttcat ttctacttc attccagcag gaggactta 1020  
 ggggagactc ggatggggac atggagaaca acccaagctc cttaaaactat taaaatgtat 1080  
 caggaaaatg ctttccttt taaaatcccc tccactctc acacacacac acctcttga 1140  
 acccttcccc aagaatgtt cttatagac ggacttcatt gaaatcttg ttgttcttga 1200  
 atcaagtgtat atataatttt ttcttcctt tttaaaatat tcccactcag cactcagaga 1260  
 cacaaaaat ctgtaaatctt caattaacag cagaatctca gagaaaaagct gtttcaatc 1320  
 caaatccagc ctttggagga atagagatgg tcaattaaca atcaaaaaga ggagattaac 1380  
 cttttgcgtt tttacccatc ggtgaatcag ccataacgca cacacacgccc acccagcctc 1440  
 ttgtttcttag tatgtacttt gaaatgtctt ctgagggtct tgatgtttga gccttact 1500  
 gataaaaactc aaatagcgtt ccccagtgtat ttgccttca ggttctttct taaaatgtt 1560  
 gtggatgact gtacattttt gtgatttga aaaaactgtt caaaccattt aaacagtta 1620  
 ttttatgttga aagagatgg cgccatgtt ttttgcgtt gttcagaagg gagatcacgg ttttgcgtt 1680  
 gtagctattt aagtgtatca tacctcttagt ttttgcgtt gtttgcgtt gtttgcgtt 1740  
 tcccctgtga atcagagtgc acaaggcacct ctccctgttag tggctaatgtt gaagaggac 1800  
 agaccgacca ccagcacagt agggcagatc tggacacgac aatgttataa cgcaaggta 1860  
 ttttgcgtt ccaactccat tctttttctt ctctgttgcac cagtttgcctt attcttcc 1920  
 tattacttgc tccaggata ggtaaaaaaaaaaaaaaa aaaaaaaa 1964

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 8:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1702 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

## (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8

ggacacccca ggtatgtga cgagcagttc ctgtcacgcc tcttcctatt tggccctg 60  
 gtgatcatgt tctggctct gattgcctaa tgctggctc ctgcgtacat ccgtggcagg 120  
 10 gctctggact ggtgacgtgc caccggact cctgggttt ggcttctgg ctaatctta 180  
 ctccctggat cagtggatc agtaacacat caaggagtct tgggttctca tcagagctt 240  
 ggaactcgag accagttggc gatgaccctt gaatatcgcc accgctgtaa acactctata 300  
 acttcaggcc ttggcattga gtcatctctc atgggtgaca ccatgaaatc ttgittcagc 360  
 cagttctgca ggtcctgact ctgcagaggg aagaggcaga aagagagaaa ctgtcagagt 420  
 15 ataatttcac ctgagtttaa tattacagaa acaaaggat gcacccaaatg gtatttctgg 480  
 aaatttcat gtctttaaat accccttggt aagttgttc tgaagccagt gggggcttct 540  
 cagatagaga ggttcccctt tcaaatccca gtgccgtct gttctttc cttccccctcc 600  
 cactcccccot cttcttcctc ttagagatg caagaaattt ctgtcccata aaaatcataa 660  
 20 ttgcagttagc taaagctggg gtcacttcgt gaattcacca gagactcaaa gatctttat 720  
 tggctctgg ctgtgtcag tggctttggc ctcagagaac aacttgaatg acttccttgt 780  
 ttcctggcat aaattttcc tggtgagaca tggcttaa ctcacagtt tcccatcagc 840  
 tttctcccta aaactatgtt catctgcctc tctgtccag agaacatata gcccggaaata 900  
 ctgcccgaagc tgagactgac tactgtgcat taggaaagac ctggagtcag gactttggg 960  
 ggatttggag ctccggaggca gtaataactg aacaaggcagc cctgtccccctt aggtgcag 1020  
 25 agcttgaatg catcctctcc cagaacctgc cacaggaaac tggggcttt gtcagggtcag 1080  
 cccaactgca tgcaaaagac caccatcctc agaagccaaag ttgtctttt tgaaggaggc 1140  
 aggaaagggg aaaccacat gtgaccctga ttttggatag gcttgataga gttccctgaal 1200  
 aactccttg atgtgtgcta aaaccaggaa agcatgtgac tgccaaggcag gcaacccctg 1260  
 30 atgatttga aagccaggta gcaggccctt ggggagcccc agcacaatga tattgtgtgg 1320  
 tcttcctcc tggaaatcg agggaaattt attcttccca atacctttagt ttgatttca 1380  
 gtttcataag cttcttcctc tgaatcttat tgagggacta tggtaccaag caggttaggac 1440  
 tggcacctg gtggAACAGT tcttgcctg cttcttaggc ttcatcccag aaatccagcc 1500  
 tcttcctgga gacccaaag ctggaggag atggcttcc ctctggccct ctcttcctac 1560  
 tttgccatcc acactgctcc tggtaaaccc cagcaagaac caacaaatgg gtagggaaagc 1620  
 35 cccatctaattt tggcttttt tcttcaatta tggacgtgca ttgttttgtt tggaaacaa 1680  
 aggttttggg ggggagatgt gg 1702

## 40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 9:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2067 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9

gccgcaggct cccgggtttc ccatttcgag aggagctctt ggctgttatt gcaaattcacc 60  
 aagtccat cattgaaggc gagacagggtt cagggaaagac caccaggatc ccgcagtatc 120  
 tctttgagga gggttataca aacaagggtt tgaagatttc ctgcacccaa ccccggagag 180  
 tggcggccat gagtgtggcc gcccggatgg cccgggagat ggggtgttaa cttggggatg 240  
 aggttggcta cagcatccgc ttggaggact gcacatcaga gccaactgtc ctccgttaca 300  
 tgacagatgg gatgtttc cgggaggttcc tctctgagcc tgacctggcg agttacagcg 360  
 tggtgatgtt ggttggaggca caccggaaaggc ccctacacac agacatttctc tttggattga 420  
 tcaaggatgt tgctcgcttc cgacatggc tcaagggtctt ggttggcttca gccacaatgg 480  
 acactggccg tttttccacc ttctttgtat acggccctgtt gtttgcata cccggacgca 540  
 ggtttccgtt ggttccgtt ggttccgtt ggttccgtt ggttccgtt ggttccgtt 600  
 tagtatctgt gtgtcagatc catgtgaccc agccccctgg ggttccgtt ggttccgtt 660  
 caggacacggg ggagatttagt gctggctgtt agatgttccca ggatcgctgc cccggccctgg 720  
 gctccaaaat cccggagctc ctgggtctgc ccatttatgc caatctgccc tctgacatgc 780  
 agggccgtat ctccagcc accaccacgtt gggcacgaaa ggttgggtgtt gcaacgaaca 840  
 ttgtcgagac atcacttacc attgagggttca tcattttatgtt gtttgcata ggttctgtt 900  
 agcagaagag ctacaaccccc cgcacaggca tggaaatcgctt cactgttccca ccctgcagca 960  
 agggcctcagc caatcagcg tggccgggg cagggtcggtt gggttccgtt aagtgttcc1020  
 gcctgtatac cggccggggcc tatcagcactg agcttggatgg aaccacatgtt cctgagatcc1080  
 agaggaccag ctggggcaat gtcgtgttgc tgctcaagat ctttggatc catgaccta1140  
 tgcactttgtt tttccgttccat atgagacact gtcgtgttccat ttggagcagc1200  
 tggatgttccat gggggccctt aaccacatgtt gggagcttccat cacgttccgtt cggaaagatgg1260  
 cagagctgcc ggtggggccctt atgctgttca aaatgtatcc agcctctgtt aagtacatgtt1320  
 gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt1380  
 gaccaaaaggc caaggccgtt ctttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt1440  
 gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt1500  
 agtgggtgttca tgaaatgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt1560  
 aacagctggc agggcttccat gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt1620  
 atatccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt1680  
 ggagttggcttca cccgcacatgtt aacacagcactt ctttccgtt gtttccgtt gtttccgtt1740  
 ttttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt1800  
 ttttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt gtttccgtt1860  
 ataaaggccaa qqaqctttagaa gatccccatgtt ctaagaaaaat gccccaaaaaa ataggccaaa1920  
 cacgagaaga gcttagggtaa gagaaggacg taaaacagaac ctgacaccacg ctccctttcc1980  
 ttctatataat tatttaataat ctattaaataaaat ttttttggatataat gtttccgtt gtttccgtt2040  
 cattttttttt ctaaaaaaaa aaaaaaaaaaaaaaaa 2067

5

10

15

20

25

30

35

40

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 10:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 1302 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

### (vi) HERKUNFT:

65

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

DE 198 18 620 A 1

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10

ctcgagtgga acccataactt gctggctctga tccatgcaca aggcggggct gctaggcctc 60  
tgtgcccggg ctggaaattc ggtgcggatg gccagctccg ggtatgacccg ccgggaccgg 120  
ctcgcaaata aggtggccct ggtaacggcc tccaccgacg ggtatggctt cgccatcgcc 180  
ccgcgtttgg cccagggacgg ggcccatgtg gtcgtcagca gccggaaagca gcagaatgtg 240  
gaccaggcgg tggccacgct gcagggggag gggctgagcg tgacgggacac cgtgtgccat 300  
gtggggaaagg cggaggaccc ggagcggctg gtggccacgg ctgtgaagct tcattggaggt 360  
atcgatatacc tagtctccaa tgcgtctgtc aaccctttct ttggaaagcat aatggatgtc 420  
actgaggagg tgtggacaa gactctggac attaatgtga aggcggccagc cctgtatgaca 480  
aaggcagtgg tgccagaaat ggagaaacga ggaggccgct cagtggatgat cgtgtctcc 540  
atagcagcc tcaagtccatc tccctggcttc agtccttaca atgtcagtaa aacagcctt 600  
ctggggcctga ccaagaccct ggccatagag ctggcccaa ggaacattag ggtgaactgc 660  
ctagcacctg gacttatcaa gacttagctt cgcaggatgc tctggatgga caaggaaaaa 720  
gaggaaagca tggaaagaaac cctgcggata agaaggtagt gcgagccaga ggattgtgct 780  
gcgcattgtgt ctgttgcgtg ctgtgaagat ggcagctaca tcactgggg aacagtgtg 840  
gtgggtggag gaaccccgtc cccctctga ggaccgggag acagcccaca ggccagagtt 900  
gggctctagc tccctggatgat gtcctgtcat tcacccactg gcctttccca cctctgtca 960  
ccttactgtt cacccatca aatcagttct gcccctgtgaa aagatccagc ctteccctgccc 1020  
gtcaagggtgg cgtcttactc ggattcctg ctgttggat ggccttggtt aaaggccccc 1080  
cctgagaaca caggacaggc ctgctgacaa ggtctgatct accttggcaa agaccaagat 1140  
attttttccctt gggccactgg ggaatctgag ggtgtatggg agagaaggaa cctggagtgg 1200  
aaggagcaga gttgcaaatt aacaacttgc aaatgaggtg caaataaaaat gcagatgatt 1260  
gcgcggcttt gaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aa 1302

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 11:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1254 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11

65 tggccgcgg ccgaaccccg cgcccaactc gctcgctcag agggaggaga aagtggcag 60  
ttccggatcc ctgcctagcg cggcccaacc tttactccag agatcatggc tgccgaggat 120

# DE 198 18 620 A 1

gtgggtggcga ctggcgccga cccaaagcgat ctggagagcg gcgaggctyct gcatgagatt 180  
 ttcacacgcgc cgctcaacct gctgctgctt ggccctctgca tcttcctgtct ctacaagatc 240  
 gtgcgcgggg accagccggc ggcgcggc gacaggacga cgacgagccg ccccctctgc 300  
 cccgcctcaa gcggcgccac ttccccccg ccgagctgca ggcgttcac ggcgtccagg 360  
 accccgcacat actcatggcc atcaacggca aggtgttca ttttgcacaaa ggccqcaaat 420  
 tctacgggcc cgaggggccg tatgggtct ttgctggaa agatgcaccc aggggccttg 480  
 ccacattttgc cctggataag gaagcactga aggtgatgta cgatgaccc tctgaccc 540  
 ctgctgccc gcaggagact ctgagtact gggagtctca ttctacttcc aagtatcatc 600  
 acgtggccaa actgctgaaag gagggggagg agcccactgt gtactcagat gaggaagaac 660  
 caaaagatgta ggtgcggcgg aaaaatgatt aaagcatca gtggaaatgat atctat 720  
 gtatTTGca aaatcatggta taacagtcca ctctgtctt aaaacatagt gattacaata 780  
 ttttagaaatg tttgagact tgcataatg tttttaatta acatcactag tgacactaat 840  
 aaaaatataact tcttagaaatg catgatgtt ttgtgttca caaatccaga aagtgaactg 900  
 cagtgcgtta atacacatgt taatactgtt ttcttcttctt ctgttagtt tacaggatga 960  
 atttaaatgt gtttttctg agagacaagg aagacttggg tatttccaa aacaggtaa 1020  
 aatcttaat gtgcaccaag agcaaaggat caacttttag tcatgatgtt ctgtaaagac 1080  
 aacaaatccc ttttttttc tcaattgact taactgcattt atttctgtt tatctaccc 1140  
 taaagcaaatactgcagtgtt ccaaagactt ttggtatgaa taagcactag gcccgttcc 1200  
 cggttaaccaa\_aatggaaatc ttccaaaaca ggaggctcag gctggccaaa aagg 1254

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 12:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2548 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12

gccgcagccc tcatctgcca cccgactctg gttggagctg ttgtttgtt tgctcagcga 60  
 ggcgggaga gaccgggag agagcttaggc cgagtccacc gcccggact gctggccgag 120  
 cccgcgttac gcacaaagcc gccgatcccc ggcctgggtt gggcggactg accaccggcc 180  
 gggagcagcg cggcgagacg cacggcgcg cctatggccc cgcgcgcgc 240  
 cgcggcagcc gaagcgcacg gagagaacgc gcccggcgg ggcgggggtt cagctagcga 300  
 ccctctcgcc acctgcgcgc agcccgagggt gggcggactt gggcggcgg gaggggcagcg 360  
 aggctgtcgc gggcccccctc ctgtcgcccc ggcggccccc tcatggcggc catccgcaag 420  
 aagctgttgg tggggggca cggcgctgtt ggcaagacgt gcctgctgat cgtgttca 480  
 aaggacgagt tccccggatgtt gtcacgttcc accgttcttc agaactatgt ggccgacatt 540  
 gaggtggacg gcaaggcagggt ggagggtggcg ctgtggacca cggcgccca ggaggactac 600  
 gaccgcgtgc ggccgcttc ctacccggac accgacgtca ttctcatgtt cttctcggtt 660  
 gacagccccgg actcgcgttggaa acacatcccc gagaagtggg tccccggatgtt gaagcacttc 720  
 tgtcccaatgttggccatcat cctgtggcc aacaaaaaaag acctgcgcag gacgagcatg 780

# DE 198 18 620 A 1

5 tccgcacaga gctggcccgc atgaaggcagg aaccgtgcj cacggatgac ggccgcgjca 840  
tggccgtcg catccaagcc tacgactacc tcgagtgtc tgccaagacc aaggaaggcg 900  
10 tgcgcgaggt ctgcgagacg gccacgcgcg cccgcgtgca gaagcgctac ggctcccaaga 960  
acggctgcat caactgtgc aagggtctat gaggcccgcg cccgtcgcgc ctgcctctgc1020  
cggcacggct cccccctctg gaccagtccc cccgcgagccc ggagaagggg agaccgtgtl080  
cccacaagga cccccacccgc ctgcctggca tctgtctgt gacgcctctg gcttgcgccl140  
ggacttggcg tgggcacccgg ggcgcggccat cccagtgtct gtgtgcgtcc agctgtgttg1200  
cacaggcctg ggctcccaac tgagtgccaa gggtcccctg agcatgttt tctgaagagc1260  
15 cgggcctcag agtgtgtggc tttgtgtctg ttgcactccc ctcgcctccat tttcacccal320  
ccccgcctc tgatccccgg gggcgagatt ggccgcggag tttgtggccgc ccccatcaga1380  
tgttccccc tcaaccgcgg gagcttgata tcccttgcct gtaacataga ccccggtac1440  
tgcggagggg gagggctgtc ggggaggatg ggggatgtt atataaatat agatataatt1500  
ttatTTTcg agctaagatg gtgttattta aggggtgtga tgggtgagcg ctctggccal560  
ggctgggcca gactccgc' caagcatgaa caggactga ccatTTTC aacccttggg1620  
gaagacattt gcaactgact tggggaggac acagcttcag cacagcctct cctgcgggccc1680  
20 agcccgcgc gaaccctcca ccagctaccg gaggaggag ggaggatgcg ctgtggggtt1740  
gttttgcctt taagcaact ttgtgcctgt cctagaagtg aaaattgttc agtccaagaal800  
actgatgtta ttgtattttt taaaaggcta aaatttgttt ttgttattttt tgcacaattg1860  
tttcattgtt tgacacttaa tgcaactcgatc atttgatcata gacagtagca ttctgaccac1920  
acitgtacgc tgtaacctca tctacttctg atgtttttaa aaaatgactt ttaacaaggaa1980  
gaggggaaaag aaaccctacta aattttgcctt tgtttccctt aagaatgtgg caacactgtt2040  
ttgtgttattt atttgtgcag gtcatgcaca cagtttgcgtt aaagggcagt aacaagtatt2100  
25 ggggcctatt tttttttttt tccacaaggc attctctaaa gctatgtgaa attttctctg2160  
cacctctgtt cagagaatac acctgcctt gtatatcctt tttttccctc ccctccctcc2220  
cagtggact tctactaaat tttttgtctt tttttttttt tttaaataaaa ctgacaaaatg2280  
acaaaatggt gagcttatga tttttacata aaagttctat aagctgtgtt tacagtttt2340  
tatgtaaaat attaaaagac tatgtatgtt acatttttt aaaaagaaatc ttgtgggtta2400  
atagtgtgtt aaaaatcccct tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt2460  
30 cctttcttcc caactccttcc tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt2520  
ttagagcatg tgggggttgg gtgaccaa 2548

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 13:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1673 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear
- 40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA
- 45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- 55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:
- 60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13

65 accaatgcac atgttagtaat caaatgtttt gggcttagata ttatgggtata caaaaaacat 60  
taaaatcatg tggtttgcaaa gcaaaagcaaa catttttgcc aatgtttgca aattggccac 120  
aaccacaaat tcaagaaatt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 180

# DE 198 18 620 A 1

taaaaccct cgagcccaca gccttatcatg ctggggctga gggaaagactg gtcttaggtgc 240  
 tgctcctgaa cttggctct gaggccatggc ttcccataga cactcaggc cctccagcta 300  
 caagggggc accatggcg agaagttga ctgccactac tgcaaggatc ctttcaggg 360  
 gaagaagtgat gtgaaaagg atggccacca ctgctgcctg aaatgtttt acaagttctg 420  
 tgccaacacc tgtgtgaaat gccgcaagcc catcggtcg gactccaagg aggtgcacta 480  
 taagaaccgc ttctgcatg acacgtcctt ccgtgtgcc aagtgccttc acccccttggc 540  
 caatgagacc ttgtggcca aggacaacaa gatcctgtgc aacaagtgc acaactcg 600  
 ggactcccccc aagtgcagg ggtgttcaa ggccattgtg gcaggagatc aaaacgtgga 660  
 gtacaagggg accgtctggc acaaagactg ctacacdtgt agtaactgc agcaagtcat 720  
 cgggactggg agcttttcc ctaaaggggg ggacttctac tgctgtactt gccatgagac 780  
 caagtttgc aagcattgc tgaagtgc aaggccatc acatctggag gaatcacta 840  
 ccaggatcag ccctggcatg ccgttgcctt tgggtgtt acctgcctca agaagctg 900  
 tggcagcgt ttcaccgc tggaggacca gtattactgc gtggattgtc acaagaactt 960  
 tggcagcgt aagtgtgctg gatgcaagaa ccccateact ggggtggta aaggctccag 1020  
 tgggtggcc tatgaaggac aatcctggca cgactactgc ttccactgc aaaaatgctc 1080  
 cgtgaatctg gccaacaagc gctttgtttt ccaccaggag caagtgtatt gtcccga 1140  
 tgccaaaaag ctgtaaactg acaggggctc ctgtcctgta aaatggcatt tgaatctcg 1200  
 tctttgtgtc ttacttctt gcctataacc atcaataggg gaagagtggt cttcccttc 1260  
 tttaaagtcc tcctccgtc ttttctccca ttttacagta ttactcaaatt aagggcacac 1320  
 agtgcata tttagcattt gcaaaaagca accctgcagc aaagtgaatt tctgtccg 1380  
 tgcaatttaaa aatgaaaac tttaggtat tgactctct gcatgtttct catagagc 1440  
 aaaaagtgcata atcatttagc cacttagtga tgtaagcaag aagcatacga gataaaaaccc 1500  
 cactgagat gctctctcatg cctcagctgg gaccacac gacatgcaag 1560  
 agttgcagcg gctgctccaa ctcaactgcctt cacccctttt ctgtggagcc gggagaagg 1620  
 accctactgg accatggcat ggggttaact ttccctcatca ggactctggc cct 1673

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 14:

30

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1593 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14

ggggcccaggga cgccgccccgg cgccggatgg ctgcctgcg cggggacact cagagcccg 60  
 tggggggggg gaaggccgca tgccccagac ggtgatctc ccggggccctg cgccctgggg 120  
 ctccaggctc tcaggggggca tagacttcaa ccagccttg gtcatcacca ggattacacc 180  
 agaagcaag gggcactgc caacctgtgt cctggagatg tcacatctggc tattgacggc 240  
 ttggggacag agtccatgac tcacatgtat ggcggggaca ggattaaagc agcagctcac 300  
 cagctgtgtc tcaaaaatttga cagggggagaa actcaactt ggtctccaca agtatctgaa 360  
 gatgggaaag cccatccctt caaaatcaac ttggatcag aaccacagga attcaaaaccc 420

60

65

# DE 198 18 620 A 1

5 attgggtaccc cgccacaacag aaggggcccag ccttttgttgc agctc,caaa cattyaiagac 480  
aaaagacagg tagtgagcgc ttctataaac tcgccaactg ggctctattc aacttagcaat 540  
atacaagatg cgcttcacgg acagctcgcc ggtctcatc ctagctcacc tcaaaaacgag 600  
cccacagcct cgggtcccccc cgagtccggac gtgtaccggta tgctccacga caatcggaat 660  
gagcccacac agcctcgcca gtcgggctcc ttcaagagtgc tccagggaat ggtggacgat 720  
ggctctgtat accgtccggc tgaacgcgg agtgtgagag ctccgggtgac gaaagtccat 780  
ggcggttcag gcggggcaca gaggatgccg ctctgtgaca aatgtgggag tggcatagtt 840  
gtgtctgtgg tgaaggcgcg ggataagtac cggcacccctg agtgcctgtgt gtgtgccgac 900  
10 tgcaaccta acctaagca aaagggtac ttcttcatacg aaggggagct gtactgcgaa 960  
acccacgcaa gagcccccac aaagccccca gagggtctatg acacgggtcac tctgtatccc 1020  
aaagcttaag tctctgcagg ctggcacgc acgcacgcac ccacccacgc gcacttacac 1080  
gagaagacat tcatggctt gggcagaagg attgtgcaga ttgtcaactc caaatctaaa 1140  
15 gtcaaggctt tagacccctta tcctattgtt tattgagaa aagaatggg aggcaaatgc 1200  
ctgctatgtg aaaaaaaacat acacttagct atgttttgc actcttttg gggctagcaal 1260  
taatgatatt taaagcaata attttttgtt tgcataactc cacaattttac atgttatattal 1320  
cagccatcaa acacataaaac atcaagatat ttgaaggact ctaattgtct ttcccttgacal 1380  
agttgattttt gcaatttgtgg taaatagcaa ataacaatct tgcattctaa cataatctgc 1440  
agttgtctgt atgtgtttt actattacag tgcattgttag ggagaaattc cctgaatttc 1500  
20 tttagtttg tattcaaaca attatgccac tgcattgttag aaacataata aatacataaa 1560  
agatitaaaa aataaaaaaaaaaaaaaaa aaa 1593

## 25 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 15:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 30 (A) LÄNGE: 572 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- 45 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

### 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15

55 cattctttgg gcgtgagtca tgcagggttg cagccagccc caaagggggt gtgtgcgca 60  
gcagagcgct ataaataacgg cgctcccccag tgcccacaac gggcgctgc caggaggagc 120  
ggcgccgcac aggggtccgc tgaccgaggc gtgcaaaagac tccagaattt gaggcatgat 180  
gaagactctg ctgctgtttg tggggctgct gctgacctgg gagagtggc aggtccctgg 240  
ggaccagacg gtctcagaca atgagctcca ggaaatgtcc aatcaggggaa gtaagtacgt 300  
60 caataaggaa attcaaaatg ctgtcaacgg ggtgaaacag ataaagactc tcatagaaaa 360  
aacaacgaa gagcgcaga cactgctcg caacccatgaa gaagccaga agaagaaaaga 420  
ggatgcccta aatgagacca gggatcaga gacaaagctg gaggggctcc caggagtgtg 480  
caatgtgacc gtgggtggcc tctggggaga gtgtaaagccc ttcccttaac agacctgcat 540  
65 gaagttgtcg aacgggtgtt cagaaagtgg ct 572

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 16:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2520 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16

30

```

cgctcctcta cccaaatttt ttttttagag atgaaaggct gcagaaaatgt ttattgaata 60
cagtgcagg tttataaata aaacgttattt acaatttcca tagagttgggt ccccccatttcag 120
agagggttgtt aaatctccaa acagtttac tcaagattta cagaaacgtc caagtacatc 180
tcctttcaa atagccatgg tgaaggccaa cttagttaac aaaagaacta ccaccatctt 240
tgctacagaa gtgtttataa aacatcataa tagatttgga gaaagaacac acactccacc 300
catgccacta ccttcttact ccaaggata cagacagcaa agaatttctg ttccttacag 360
gacaacttca ggggattaaa aaaacagtaa ctgcccagctg gaggataga ttaagacaca 420
tttagtggaaa tctagtact gcccaaggag aaatataattt aggatataca ataaataatt 480
caaatagtctt aaaaatatttga atgaacggaa gagtagactt gaccaatattt acattcttgc 540
ttcaggaaga gattccccatg atgctgaggg gttcgtggta agtatttctt ctgacgagac 600
acagcagcgc tgggcctact gcacagccgt tcattacaat attgttacaa gtacaatcag 660
acatgcattt ataaagagaa tataaaaata tgtacaatag ctcattttca atgtgtgtaa 720
gttgcggaaa gacaccaatg aaagtgtca aaaatttattt tgtcaaaaaaa tcagaaaaag 780
ctttccttgg caacagtgc tcaaaaagccc atctgaaata tcgagatcca tttgcctcgc 840
tcaacaccta ccccaaacag atggagaaca aaactatgaa aggggttgcc aagtactcag 900
cagtttctt tggcaagtct caggctaaag caggatgccca gttcaactaa tcactttata 960
tataaatata tgttatattt tatagagtag tttagaagtag gggcaagagt ttacaggaag1020
gtcctaacca acttcaaggg cactgcccagg acacccagct atttcctctc acaaactcat1080
gcagactaac acccaacgc tgggctggc atccccccaa ataccaggcc ggaaggctac1140
agtggattct gcctcacctc tgctcaaaac tggactcag cattccctgg agggggagggg1200
ttaggggttt ctgggttccca gacacgatcc tggccatatac agaatctctgt ttc当地1260
gtcttttagg atacgctgc ggaccactaa gagttccaccc agcttctaaa gacttgagggi1320
tttagaaggct acatttgcgaa aaaaacagtc aaatatcccc ctccagcccc ctttggaaact1380
accgagaggt catgaccac aggcctgaga ctgggtcagc aatcaggctc tttgaccacc1440
ccctgccaca agaaatatcc aggacattaa cttaactcaaa ccaggaaaccc tatctccacca1500
gaagagaaaac cccaaaggtaa ctttaggcatt tcctttcaga ttcaggtaat tacaaaagcc1560
aacccttagc tcatagtgta aacatctctt ctaccaacca cccagccaa ggaccagttag1620
cagaaggcaca tgggcgttgtt ctccccctca ctgctctgac ccaccctct ggcagaaaat1680
ctaacaagct aaaaaatgcc agaaagacag ggagtagggag aaggagaagc caagggtctc1740
tataaatcag ccctgaatgc acccatttgg ctgccaagag cttctctactg ctttgctagc1800
agcctgccac tggccatgg caaattgaaa ccaccacgc aaacactcaa aaccccaatc1860
tccttgctaa taagataca ccagttaca ccgtaaaaa tgcacatctc cagccttcat1920
ttcaaaaaaag agctctgtac taaatgcaat atgctttaa agggggttt acagggaccac1980

```

50

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

atctcaatgc aaagaccagt accagatgtc tgagtggg ttacagggtt ataatttagac 2010  
acaaaattca ctcccacactg gagtttact ttcaagctgg aagctagcat tagttctact 2100  
tggggggaaa aaagcaaagt caagtcaact tggaaaaaa aaaaaaaggaa ggaggaggct 2160  
aagtataatc ataaattaaa agtcgcgaat caaaggtgac tggtagtgtc ttttaggcatt 2220  
gaagagactg gcttacaaaa gtgactactg ctttaccac acacagcgaa gattgaatta 2280  
cagacacact aaatcatgtc tcttcagat ggtctcaagt agttacataa gacaggtaat 2340  
cagcagcaca attgagaaca acccctaaat acatgctga gagaaggatgg gtttttttt 2400  
tccttaagag ctctactgtcc tgaatagatc attaaaagtt accataattc accttcccc 2460  
ctccccccag tgaaaatgca actagaccta catgtttccat aaataggatg aagtccctgc 2520

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 17:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1722 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17

cattgtttgc caaaatcccc ggcagcatgg acctcagttct tctctggta cttctgcccc 60  
tagtcacccat ggcctggggc cagtatggcg attatggata cccataccag cagtatcatg 120  
actacagcgta tggatgggtgg gtgaatttga accggcaagg cttagctac cagtgtcccc 180  
aggggcagggt gatagtggcc gtgaggagca tcttcagcaa gaaggaagggt tctgacagac 240  
aatggaaacta cgcctgcattt cccacaccac agagcctcg ggaacccacg gagtgcgtgg 300  
gggaggagat caacagggtt ggcatggaaat ggtaccagac gtgtccaaac aatgggctgg 360  
tggcaggatt ccagagccgc tacttcgagt cagtgttgg tcgggagtgg cagtttact 420  
gttgtcgcta cagcaagagg tgcccatatt cctgctgct aacaacagaa tatccagg 480  
actatggtgaa gaaaatggac atgatttcctt acaattatgtt ttactatatac cgaggagca 540  
caaccacttt ctctgcattt gaaagggtt gccagtggaa gttcataatgt tgccggatgt 600  
ctgaatacgtt ctgtgaattt gcaaatgtttt agatttgcca cataccaaat ctgggtgaaa 660  
ggaaaggggc cggggacagg aggggtgttca catagtttaa catcagtgg atctcctata 720  
gaagtttctg ctgctcttcc ttcccttccccc tgagctgttta actgcaatgc caacttcctg 780  
ggcctttctg actagtatca cacttctaat aaaatccaca attaaaccat gtttctcaact 840  
tttcacatgt ttcatagcaa ctgtttata tgactgttga tggcttcctt gcacaccaca 900  
tatacagtgc gcatgtttac agccgggtt ctggagcacc agctgcagcc tggctactgc 960  
ttttactgc agaatgaact gcaagttcag catagtggag gggagaggca gaactggagg 1020  
agaggtgcag tgaagggttctt ctacagctaa gcctgttga atgatacgtt ggttccccac 1080  
caaaagcagg ctttctgccc tgagggacat cttccactc ccctgttcca catgagccat 1140  
gcatgttttagt caatccaaat gcaaggttctt tggtccagg agtggaggaa ctgggagggtg 1200  
aaatggggaa atggaagggt ttggaggcag agctgaaaac agggttggaa ggatttcctg 1260  
aattagaaga caaacgttag catacccaat aaggaaaatg agtgcagggg ccaggggaac 1320  
ccgtgaggat cactctcaaa tgagattaaa aacaaggaag cagagaatgg tcagagaatg 1380

# DE 198 18 620 A 1

ggattcagat tgggaacttg tggggatgag agtgcaccagg ttgaactggg aagtggaaaal440  
 aggagttgtca gtcactggca cctagaagcc tgcccacat tccttaggaag gctggcagac1500  
 accctggaaac cctggggagc tactggcaaa ctctccttggta ttgggcctga ttttttgggt1560  
 gggaaaggct gcccggggta tcaactttcc ttctgtgtgt ggctcaggag ttcttctgc1620  
 gagatggcgct tatcttcctt ctcctgtgtca tgcctgtc ccaaccattt gtactttca1680  
 ttacaaaaga aataaaaata ttaacgttca ctatgtcaa aa 1722

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 18:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1648 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18

tgaccaagaa acagggccta aggatcattt tctcgatgc atcacggctc atcttccggc 60  
 tcagttcctc cagtgggtgt cgccgcaccc tgcagactgt acgcagagag ctacgagagg 120  
 gatccccagcg gccatgacca ggagccacag gcagtgtca gcccctctcat agccatcgca 180  
 ctgaaaaatat cccagatca tggagaact ggccggaggg gaccactgt catcacctga 240  
 atagaggaaa gatcactcac caggggccaa gagatgtctc agcgggagat gttcactga 300  
 tgccttctttt ctacgtttt gtgccttta tgactttga aaaacaaaag atatttgtc 360  
 tttggggat agagggtggg tggaaaaaaa aaaaaaaatcc atttggtttt ggtttgtcc 420  
 tattcttcca aatgcagcag ggcttttagt tgcgtttaa agctgcacta taattttgtt 480  
 tctacatttt atcacacaaa ggaacctccc cttttgacaa caactggctt aggcaactgt 540  
 taatcacaac atttgtcat cacttggcc aagtggaaaaa atgttctaaa atcacaagag 600  
 agaacagtgc cagaatggaa ctgaccctaa gtcggatgt cccctggca ggcagaagga 660  
 gacactccca gcatggagga gggtttatct ttccatctta ggtcaggctc acaatgggg 720  
 aagggtttat tatagaactc ccaacagccc acctcaactc tgccacccac ccgtatggccc 780  
 tgcctcccccc atccatccc caacatccct gtaccaccc ttctcacatc ttctaaagct 840  
 ttgtacaaat cacaatggt cacttccaa aaaatataatc aataggtgtt ttctcttctt 900  
 attttgttaa tagtattttt ttagcttta agctggatc ttcttttcaaa attcagccat 960  
 tcagttgtaa agtgggaag aagtttctt acaagactt gcaattaaat gcttaaaaat1020  
 tggaggggat ctttccttgc ttacatcaag tatgttggta catgggttta tacaagttcc1080  
 ttttggaaag gcaaaaagac cacccatgtgt gaggacttt tgacttggcc aataggggcc1140  
 tatcttaatg cacttggttt gacacatttc tgatcttatt tgtaaaggct gcaaaaaggag1200  
 agatgaaat gctgtaaaag tagaaatga agtggaaatc ggaagaaaat gtaattggtg1260  
 gtacagctat gggccagatg gtggagggga ggggtggggac ccctggccgc aagcagatgt1320  
 tcacagctgg ctttccttgc ttggggaaaag ggtactggcc gtctagcgc ctcctctgt1380  
 ctcagccagg acacccagcg cgtgggaccc gtttggatgtct gtttggctt cttggaaacg1440  
 gcacagtcac tcacccttgc atttgcggaa atgacctgtgt gcactttgac tgtaaagcaa1500  
 tgcgttatttgcgtatca ggttagtgc aagcaaggaaa cattcccaat aaggtatgg1560

40

45

50

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

tttccatttt ctgtctgtgc ttctgtcaga aacttgttag gacttttagtg gccaaataaaa1620.  
aagaaaattcc taatttcaac cttaaaaa 1648

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 19:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1102 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19

tgccggcgccg qctgggtccc accaggaga agcagaattt gccccatca tgagcattgt 60  
ggaccggcaac cgccctgggg tagtgacatt ccagggcttc attgacttca tgtcccgca 120  
gacagccgac acagatacag cagaccaagt catggcttcc ttcaagatcc tggctggga 180  
caagaactac attaccatgg acgagctgcg ccgcgagctg ccacccgacc aggctgagta 240  
ctgcacatcgcg cggatggccc cctacacccg ccccgactcc gtgcagggtg ctctggacta 300  
catgtcccttc tccacggcgc tgcacggcga gagtgacctc taatccaccc cgcccgccg 360  
ccctcgcttgc gtgcgcgtg ccctgccttgc cacctccgccc gtgcggccatc tcctgcctgg 420  
gttcgggttgc agctcccagc ctcaccccggtgagctggg gcccacgtgg catcgatct 480  
ccctggccgcg gaagtgcacat ttacaaaat tattttctgc aaaaaagaaaa aaaaagttaac 540  
gttacaaaacc aaaaaactac atattttattt atagaaaaag tatttttttccatcc 600  
aatggaaaaa aagagggaaag attaactatt tgccacggaaa tgcacccatc tggtgcgaca 660  
tagggaaaata accaagcaca aagtttatattt ccattccatc tactgattttttttttttctt 720  
atctgttcca tctgctgtat tcatttctcc aatctcatgt ccattttgggtt gttggagtcg 780  
gggttaggggg tactctgtc aaaaggcaca ttggtgcatg tgcgtttgtt agctcaactg 840  
tcacatggaaaa tattttatga tattaaagaa aatcttttgc aatggctgtt ttttaaggaa 900  
gagaattttat gtggcttctc atttttaaat cccctcagag gtgtgacttag tctctttatc 960  
agcacacact taaaaaattt ttaatattgt ctataaaaaa taggacaaac ttggagagata 1020  
tggacaactt tggatattgtt tggcacagat ggtataaaaaa aaaccacact cctatgacaal 1080  
aaaaaaaaaaaa aaaaaaactc gg 1102

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 20:

60

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1610 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

DE 198 18 620 A1

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20

20

ggcgcgtat tggacgcgtg gggcgaggcg gaggagagcc gtgcgcacgg cgtatgtggg 60  
 gcccgtgtca gaccgcgtg tggcgcagcg aaggaccctc aaaataaaca gcctctacct 120  
 tgcgagccgt ctccccagg cctgcgtccg agtctccgcc gtcggggcc cgctccgacg 180  
 cggaaagatct gactgcagcc atgagcagca atgagtgttt caagtgtgga cgatctggcc 240  
 actggggcccg ggaatgtcct actgggtggag gccgtggtcg tggaaatgaga agccgtggca 300  
 gaggtttcca gtttgtttcc tcgtctcttc cagatatttgc ttatcgctgt ggtgagtcgt 360  
 gtcatcttcg caaggattgt gatcttcagg aggtgcctg ctataactgc ggttagagggt 420  
 gccacattgc caaggactgc aaggagccca agagagagcg agagcaatgc tgctacaact 480  
 gtggcaaacc agggcatctg gctcgtgact ggcgaccatgc agatgagcag aaatgttatt 540  
 ctttgtggaga attcggacac attcaaaaag actgcaccaa aatgtgatgc tatagtggtg 600  
 gtgaaactgg tcatgttagcc atcaactgca gcaagacaag tgaagtcaac tgttaccgct 660  
 gtggcgagtc agggcacctt gcacgggaat gcacaattga ggctacagcc taatttattt 720  
 cctttgtcgc ccctcccttt tctgattgtat ggttgttattt ttttctctgtat atccctttca 780  
 ctggccaaag gttggcagat agaggcaact cccaggccag tgagctttac ttggccgtta 840  
 aaaggaggaa aggggtggaa aaaaaccgac tttctgcatt taactacaaa aaaaggtttat 900  
 gtttagttt gtagagggtgt tatgtataat gctttgttaa agaacccccct ttccgtccca 960  
 ctggtgaaata gggattgtat aatgggaaga gttgagtcag accagtaagc cegtcctggg1020  
 ttccttgaaac atgttcccat gtaggggatc aaaccaattc tggaaagtgtc tatgaacttc1080  
 cataaataaac tttaaattttt gtataatgtat ggtcttggat tgcgtacccct cagtagctat1140  
 taaaataacat caagtaacat ctgtatcagg ccctacatag aacatacagtt tgagtggag1200  
 taaaacaaaaa gataaaacatg cgtgttaatg gctgttcgag agaaaatcgga ataaaagcct1260  
 aaacaggaac aacttcatca cagtgttgc gttggacaca tagatgtgta tggcaaggt1320  
 tttagaacaca ttattttcaaa agactaaatc taaaacccag agtaaaacatc aatgctcagal1380  
 gttagcataa ttggagacta ttccaggaaatt gcagagaaaat gcattttcac agaaaatcaag1440  
 atgttatttt tgatatactat atcacttaga caactgtgtt tcatttgctg taatcagtt1500  
 taaaagtc gatggaaaga gcaactgaag tccttagaaaa tagaaaatgtt attttaaact1560  
 attccaaataa agctggagga ggaaggggaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa 1610

25

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 21:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

- (A) LÄNGE: 1108 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

18

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

DE 198 18 620 A 1

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21

ggaggcgccg ggagagtagg gtgcgttgtt ctgagctaga gggtaagct ggcggacagg 60  
aggatggcg tatgcagggt atagactaga gaacaagacc tctgtctccg tagcatcccg 120  
ggcgagcagt ctgaatgccaa gaatggataa ccgtttgtt acagcatttga taattgtcttg 180  
tgtgtttttt ctcattttca ccatctacat ggcagccccc atttttttttccg acttctggta 240  
tgaatatcgaa agtccaggttt aagaaaaattt cagtgtttt aataaaagca tctggatgaa 300  
attcattttttt gatgaggcgat atgaaaagac ttataatgtt gcactttttt gatacaatgg 360  
cacagtggaa ttgtggagac ggtgtatcac catacccaa aacatgcatt ggtatagccc 420  
accagaaagg acagagtcat ttgtgttgtt cacaatgtt gtgatgttca cactaactgaa 480  
gcagttcatg gagaatattt ttgtatccgg aaaccacaat agcgggattt atctccttag 540  
gacctatctt tggcgttgcc attttttttt accttttttgc agtttagtt tgatgtgctt 600  
tggggctttt atcggacttt gtgcttgcattt tgccgaagc ttatatccca ccattggccac 660  
ggcattctc catctcctt caggtctgtt tacactggcc tcagtaagtt gttatgttgc 720  
tggaaatgaa ctactccacc agaaaactaga gctccctgac aatgtatccg gtgaattttgg 780  
atggtccttc tgcctggctt gtgtctctgc tcccttacag ttcatggctt ctgtctctttt 840  
catctgggtt gctcacacca accggaaaga gtacacccttta atgaaggcat atcgtgtgac 900  
atgagcaaga aactgcctgc ttatcaattt ccattttttt ttttttttttaaa taataactgtat 960  
attttttttttccca cctctcaattt ttatatttttgg ggtatatacca ttatattatgtt 1020  
gaaaatccat ttaattttata caccatcac cactaaatac ccccccttaat accccctaaal080  
attnaagggg ggttacccat aagcgatg 1108

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 22:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 675 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22

agggaaagag agagagaggc ctagacgaac acaatcacat gtttcttg ctgtccccc 60  
cgggatggc ctgtttggg gtttggact ctgaacccga gcggggttcc ttgcgttgac120  
tttgcgttcg gtccttaat gccttcccc actccctcc cgtgggttca ggggccaagc180  
ggccctctct cagagcacgg gcagcacccgt ctccgtgacc cctgtgtgcc agccctgc240  
gacgcagctg gtgggaggga gcatggattt ggagggtggag aagtcaactc tggcctcg300  
aggggggtggg ctgtgtgcct agttcagtgt gactcgggta ttggtgaggg cggacaggtt360  
tctgaggcct ccctagcctt ctttgtaaat tcacacgaga tagtccaggc ctttccagcg420  
cccagcttgg atgataatcc tcgtgtcccc cactctaagg cctcccttgg atttctttgg480  
gttctaccac gtcctctgcg tgtctccagg tggtagcagga gatgtggttc ctgtccctct540  
cctgggtccc tagggggccc cccctgttagct ttagctgacc ccatgggtgt600  
gggtgtgggg tctgtgcgcg tgctcaggta agcttgggg ctcaggtaa gcgggtcccgaa660  
agaacggggg gggag 675

5

10

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 23:

20

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 350 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

40

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23

agcagagcaa gtttgggttc gctcctctgg cagaacccatcg gcttcagga ggtccttgg 60  
ccagggaca gctgctctc tggggctgg ggcttcaac ttccctggca gcccctcgac120  
actaacccag ctggaaacca gggaaacaaa cggcctggag tgccaaaccc ttgcgtgtca180  
tttttccag aaaaaacgggg gcaatggctg tttagggagcc catttggaa gaactgggc240  
ctctaatggg gcaaatggat tctgcagggg gctgcagggt ggcaggaaa attccttcaa300  
acaagggtt ccacccaaac ccaggccccg gcttcaaatg gccagaaaaa 350

50

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 24:

60

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 746 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

65

# DE 198 18 620 A 1

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24

cccccctcc tccggctttt tttttttat ttaagaaaat ttatttctac ttctacagca 60  
gaaatacgg aatggtacag gtttggcaa atcatacttt atgaaaatggf fcctcataacc120  
acatccttt taatacaggc acgttataac ataattcctg gattttcaaa atccagccaa180  
cacggatacc tctgctactc tggtttggcc ttcatagctg ctccctctt cagacgact240  
ttcttttcta agtttcaagct tgtaagtc tcgtgtcttt gggcagecctt cttgcctca300  
ataaccatga agatgcatcc taccaccgtc agggcaatca ttagatagct gatcttcact360  
cgcatcttg tctttgcagc atcaagcatc tccaacgaga cagctctgg gatttcatct420  
tccttttga agcgacctga ccatacgagg atcttttctt gccaatccgtt aggtttgtgt480  
aaaggcactc tggttaagt goggatggc gctccggac ttccctgtgg ttttgtgcaa540  
aatccattta ttctctcaa atcagagctt ctggtaagcc ttagagatga ggaaacatct600  
35 ctccacata acctaaaaca gcttcctgtt gccaggcgca gaccgcttag gctccccatg660  
gccacttgct actccggcga ccagcgcaga acttcgcgg ggacgggtggc gctggtgagc720  
tcaatgtcac ccagcgttgg agtggg 746

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 25:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 217 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

60 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25

agtgtatggc agcaaatgag ggatcataac tctcagttt ttatgatgatta ttcatcctca 60  
 gatggaggag ttatccgtc agccacttca gtttcgtctt aaaacaggag cccacaggac120  
 ccaaggaact attaaggagg accaggaacc taggtttttt ctttcaaaaa attggcccta180  
 gccaataaaa tgaaggaaaa aattaggcac cttttttt 217

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 26:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 392 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26

gcggatccgg cgttctccac tgatctttc caaggctgtc cagacatggc ggcggcttt 60  
 cgaaggcgg ctaagtcccc gcagcggaa cacagagac gaagcagtga ctaccgtaaal20  
 aaacaagaat acctcaaaagc tcttcggaaag aaggctttt aaaaaaatcc agatgaattc180  
 tactcaaaaa tgactcgggt taaactcccg ggtggagtag atattattaa ggagactaag240  
 gaagaagtaa ccccagaaca actaaagctg atgagaactt caggacgtca aatatataagg300  
 aagggaagag ggtgcagaag ctaagaaaaat cgaagactaa aatcaggggcc catctgcggg360  
 ttgcaggggg ggcaggaaaa. gtttgtttt tt 392

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 27:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1796 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

DE 198 18 620 A 1

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27

cggtctcaac gtatttagttt ttccatattt tttcccagt aaaatatgg aaaaaaaaaaa 60  
agaattttag aagcaaacaa ttacatgtca tgcagggtt gtagcagatt ccattcgaaa 120  
tcaatattgc cacaataccc aggattaat gtcgcacag gggggcaatc ttatattgtc 180  
ttacttccta cccctccctt gttctgcctc tttaactctg ttaagttgtt ctgtttggaa 240  
20 cctggaaaag aacccaaaga aaacctgagt ggacagggtt atttctggaa tgcaaaaaac 300  
attttaaagg ctagattttt agaatattct caactagcat tcttccattt gatttgaagg 360  
ggaaattaac tattataatc tcttgaatcc aaaactggat attaagaact ttccccctta 420  
ctaaagtttaa gactttgtc atgtggtag tcaaataaga ccattttgtat tgtaaaccat 480  
aaaatagttt agcaagtagc ccacagttt ggccttaacag cagacttgct gttttcactt 540  
25 ggtatccctgg agttgggtt ctaaccttaa ttctatgtat gttttctaaa atgaaacttg 600  
ataaaagtataa ccaccagctg caccgtgtt tctgtaaaag tattttagt aagtggccaa 660  
gagacttggg gaaaatacag attttttgtt taccttggtc ttgttttaag tcttaaaaaaa 720  
ttaaagataa cattataatg tagaatacag atgggacata gtccttgcata gcttcccttg 780  
30 aaaatgtttt aaatattttt tagtgggtt aaagacacta aatttgcattc taaaagacac 840  
taaatttgcac taatttgcata aaggtaaagc caattttatg aaacagtctt acagactaat 900  
atattgtatq cagtgttataa agggaaataac tcattctctaa cattatggta ataacatttt 960  
gcctcatacg agttggagca gggggatggg taatttacaga tttcagact atagaagag1020  
35 ttccattttt ttgtgacccc acagatgttca aaatttttat ttcaactctt gctagagct1080  
actgtgaaat cactgttcca tatttgcac tggggaaaat gggcatagag tagagaatag1140  
cttcataatgtt ttaatcgtttt gcatagacta cacatgttc atgcgtttt ggcaggtagc1200  
tggtatattt tccccaaagt aataatgtt aagtatgggt ctcatcatc ccatacacag1260  
40 aaacacaaaaa cactttgtatc ataaactttt ttcttcagaa gccaaactaa cttgcagaat1320  
aatagagccaa ctgggtttat gtttcctcaa gatagggtt agtgttactt agtattctgt1380  
gtgttcgtatq aaatgattca atacctgcac ctgttgcattt aggaattgtt tttgttgct1440  
45 tttttataat agatgaggtt caaaaattttt aatgttgc atgtatgcacc accacagga1500  
agtttagatcc cattagact tggaaactaca gctttggaaa cttaggctaa gttatattgg1560  
atitgttact tgattcacct actgacctt tcttttggaa gaagtgcctt tcagcataat1620  
gagcttaagtg tcatgcataat ttgttgcacaa acaccctttt tggtccctt tgggacagag1680  
agttactctt tgatctttt gaatgacagg ttactgtttt gccttattgc ttaacttaat1740  
gtgtgaaat aaagcagaca aagcttggaa aaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaa tcgacg 1796

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 28:

50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 575 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

# DE 198 18 620 A 1

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28

ctgaagagca gatcagaggc agggaaaaac cacgcagaag caggagctga agacctcaga 60  
ccggcaccag ggacagctta atgaagacaa actgaagggg aaactgagat ctttagaaaal20  
ccagctatac acctgtaccc agaaaatactc cccttgggga ataaaaaaag tactactgga180  
gatgaaagac cagaaaaaca gctatgagca gaaggccaag gagtcactgc agaaagtgt240  
ggaggagaaa atgaatgcag agcagcaact acagagcaca cagcgatccc tggccctgjc300  
agagcagaag tgtgaagagt ggaggagcca gtatgagct ctgaaggagg actggaggac360  
ccttgggacc cagcacaggg agctggagag ccaactccac gtgcttcagt ccaaactgca420  
ggggagcaga tagcaggac ttacatgta acccaggccc ttgattttt gaaaaatgag480  
ccccaggaa cttcagccca agattgattt cttcaaagg ggacagagac ctttgcact540  
tgggtaccca gggcctgcaa gatcaactga aaagg 575

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 29:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

30

- (A) LÄNGE: 2927 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:29

55

gaagaaaaag aggaggaaaa agtagggag aaataaaggg aggagagaag cacagtaaaa 60  
aaaaaaaaa gtccttttc gacatcacat tcctgtgtt tccctcagcc tggaaaacat 120  
attaatccca gtgttttac gcccggaaac aaagagacta agccagacta tgggggaaag 180  
ggagataaga aggatcctgg aactttaag agggaaagag tgagatttag aaatcgccag 240  
gactggactt taagggacgt ctgtgtcag cacaaggac tggcacacac agacacacga 300  
gaccgaggag aaactgcaga caaatggaga taacaaagact tagaaggaca gtcctttca 360  
cctcatccta ttgtccaga agtaaaaaaac acacagccag aaagaaaaagg catcgctca 420  
gctctcagat caggacaggc tgtggatctg tggcggtact ctgaaagctg gagctgcage 480

60

65

DE 198 18 620 A 1

acaccccttt tgattgctc accctcgta aagagagaga gggctggaa gaaaagtgt 540  
tcatcttaga aactgtcctg ggaaccaaac ttctgatttc ttttcaacc ctctgcatt 600  
catctctatg agcaccatt ggattacaca atgacatgga gaatgggacc ccttttact 660  
atgctgttgg ccatgtggct agtgtgtgga tcagaacccc accccccatgc cactattaga 720  
ggcagccacg gaggacggaa agtgccttg gtttctccgg acagcagtag gccagctgg 780  
tttctgaggc acactgggg gtcctcgga attgagagat ccactctgg aagaaccaa 840  
cttcagcctc tccagagaag gaggagtgtg cccgtgtga gactagctcg cccaacagag 900  
ccgcccagccc gctcgacat caatggggcc gccgtgagac ctgagcaaag accagcagcc 960  
aggggctctc cgctgtgagat gatcagagat gagggtctt cagctcggtc aagaatgtt 1020  
cgtttccctt cgggttccag ctctccaaac atccttgcctt gctttgcagg gaagaacagal 1080  
gtatgggtca tctcagcccc tcatgcctcg gaaggctact accgcctcat gatgagctgt 1140  
ctgaaggacg atgtgtactg tgagctggcg gagaggcaca tccaacagat tgtgctttc 1200  
caccaggcag gtgaggaaagg aggcaaggtg agaaggatca ccagcgggg ccagatctgt 1260  
gagcagcccc tggaccctag cctcatccct aagctgtatga gcttctgtaa gctggagaag 1320  
ggcaaggttt gcatgggtct gctgaagaag acgctgcagg tggaggagcg ctatccatat 1380  
cccgttaggc tggaaaggccat gtacgaggct atcgaccaaa gccccatccg taggatcgag 1440  
aagatcaggc agaagggtct tggccagaaa tgaaggctt ctgggtttaga gggccagggt 1500  
gtggcggagg ggaatgacgg tggaggggga gcaggaaggc caagctggg cagcggagaag 1560  
aagaaaagagg acccaaggag agcacaagtccacca gagagagtct ggtgaaggct 1620  
ctgagaaaaac tggccgccc accacccttc ctctcgcccc gacccacaaca gtgactcggt ccacgtcccc ggcgttaacal 1740  
gttgcgtcaa gacctatgac caccactgcc ttcccccacca cgcagaggcc ctggaccccc 1800  
tcaccctccc acagggcccc tacaaccact gaggtgatca ctgcccaggag accctcaagtt 1860  
tcagagaatac ttaccctcc atcccgaaag gatcagcaca gggagaggcc acagacaacc 1920  
aggaggccca gcaaggccac cagcttggag agcttccaaa atgcccctcc caccaccatc 1980  
tcagaaccca gcacaaggcc tgctggccca ggccgtttcc gggacaaccc catggacagg 2040  
cgggaacatg gccaccgaga cccaaatgtg gtgcccaggct ctcccaagcc agcaaaggag 2100  
aaacccctcca aaaagaaggc ccaggacaaa attcttagta atgagtatga ggagaagtat 2160  
gacctcagcc ggcctactgc ctctcagctg gaggacgagc tgcagggtgg gaatgttccc 2220  
cttaaaaaaaag caaaggagtc taaaaagcat gaaaagctt agaaaccaga gaaggagaag 2280  
aaaaaaaaaga tgaagaatga gaacgcagac aagttaactt agagtaaaaa gcaaataatgaa 2340  
aagtctgaga aaaagagcaa gcaagagaaa gagaagagca agaagaaaaa aggaggtaaa 2400  
acagaacagg atggctatca gaaacccacc aacaacact tcaacgcagag tcccaagaag 2460  
tcagtggcc acctgttgg gtcctttgaa ggcaacagaa gactccttct gatcactgtc 2520  
cccaaggctg agaacaataat gatatgtcaa caacgtgtat aatatcttggaa aagtttctgtc 2580  
aagatggcta ccagaaaaat ctctgtgtatccatcttgc gcccgtgtcaa caacagcacc 2640  
atgaaaatcg accactttca gctagataat gagaagccca tgcgtgtgtt ggatgtatgaa 2700  
gacttggtag accacgcgtct catcagcgag ctgaggaaag agtacggaaat gacccataat 2760  
gacttcttca tgggtctaac agatgtggat ctgagagtca agcaataacta tgaggtacca 2820  
ataacaatga agtctgtgtt tgatctgtatc gatactttcc agtcccgaaat caaagatatg 2880  
gagaaccaga agaggggggt ttttttggaa gggggaaaaa ccggggggcc 2927

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 30:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 734 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielles cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30

tccgtgggat tttaaaaat ggttgtgggt gtgtgggtt tttgagggtg ggagaggatg 60  
tgtaaaatc ttgcacagg aaatgggttc gctgcaggagg taaggatgtg ttcctgtatc120  
gatctgcaga cacccagaag gtgggtcac actgcatgtc tggtgggtcc aagggattcg180  
agacctccaa catacttgc tgaagctcgat gcccgtggcc atggcccttc tgccaagcct240  
gtgtgcgatc cccttggc ttttagtgc aaagcctagg ctcaagaagca cagcagcgcc300  
atctttccgt ttcagggtt gtgatgaagg ccaaggaaaa acatttatct ttactat360  
acctacgtat aaagtttag ttcattgggt gtgcgaaaca cccttttat cacttttaaa420  
tttgactttt atttttttc ttccatgttt gttctctgga catttggga tgtgagtgtt480  
agagctgggt agagaggagt caggcggcct tcccaccat ggtcctggcc tccacctgcc540  
ctctcttccc tgcctgatca ccgtttcca atttgcctt cagagaactt aagtcaagga600  
gagttgaat tcacaggcca gggcacatct tttatattt tcattatgtt ggccaacaga660  
acttgattgt aaataataat aaagaaatct gttatatact tttcaaaatc caaaaaaaaa720  
tagggagggt aagaaaaagg gcg 743

10

15

20

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 31:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1667 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

45

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31

55

agagccaata gcatgggtt tacaaggcaa agatagtcat tcattcaaca catattcata 60  
gagctccttc tctgtccag acactgttct ggaagatgc tagatgaaaa tctttgcact 120  
cacagagctt acatgcacgt gagtgaagat cgatgataaa taaagcaaat gcatcatatg 180  
ttcacatttg ataagtatat gccaaaaat gaagccggga aggaggacaa ggcccatgg 240  
tgggtgttga ggtttttaaa gtgtggtcag gaaaggcccc actgataagg taacatttg 300  
gcaagtctga aaaaggcaag gggatctttt gggtaactt cgggatcccct gcactttatg 360  
taagaatgtt aacctggagt ctcatttaag aatgatcagc aatacgatggtaa 420  
actgaatgtt atggacattt tttcttaatt tacgtataaa tccatatgtatatacataaaa 480  
gttctgtatgc attaataaaa gcagccaaat agggccaaag agaaaaataa caggactctg 540  
tactggacct aactttatca ttaatttagt aatattttcc tcatttctt actgctgcc 600

60

65

DE 198 18 620 A 1

5 ttttcctcac cagtattcca gagatggta tagctcatta ctctaccac argaaccta 660  
aaggaattag aatacagcg aattggcctc agtgaaggc taaaatgt ttcctcgta 720  
gaactggact attgatcatt accacgtgac gttggctcta ttactttctg ttcccaatgt 780  
ccttccttagt gtttggaaat gttaaaacat ccctaaaatc taaaatcatat aatcagaatt 840  
ctatagtgtc ccactctatc tgtaaagatc atttggaga ctttagactc tattaattt 900  
aaaaggataa ttat tagcc atatcgaaaa ttctaatgatgatgatc 960  
ttcacttttca agatcgtgt tgaaatggc aattatcgt gttggattta gttccaaacta 1020  
cttgatttac aaaaatgtac atttagagaa gtttaaaaga aacagtgaga aatgtaaaca 1080  
10 ttcaaaatgtaa tatttgcattc tctcaggatc gggataatt atcagagaca tgcaactga 1140  
aatgtctcac ctttcatctt ttttcttaa ttctataaagt tatcttgcattc aatttgcattc 1200  
gaccctctca gtcatttca actggggcgg tgctgtcacc gaatgggtt tgagagtgtt 1260  
ggggcttaggg cacatttttgc gttgtcacag caactgggtt ggcatttgc gcccagtgcc 1320  
15 aggaatagta acattatgaa tgccaggagc agtgcgtcata gtaaagtctt ccattccaaa 1380  
ggggcaggggc acgggtgtc acggctgtaa tcccagcaact ttggggaggcc aagggtggcg 1440  
gatcacctga tgcaggggc tgcaggccaaac atgggtgaaac cctgttgcata 1500  
ctaaaaatac aaaaatggc tggtgtggt gtcacatgca agtaacccca gctacttaggg 1560  
aggctgaggc aggagaatca cttgaacccg ggaggcagag gttcgtcata gctgagattg 1620  
caccactaca ctccagcctg gatgacagag tgacttca tctcaaa 1667

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 32:

25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 249 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

40 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32

cgtggtaggc acttcatcag tttttactga ttgaaaacat ttttgcgtgt ggcttctata 60  
agagtgtcta cttttacag ctctgaccct acctcattt atttgcgtct ttatcatctac 120  
ggggcttaggg aatttgcata accagtgttg tttagaagtgt atataatctg aatcaataag 180  
ctctgaatgg gggacaagaa acgccttat agcacaaaaga tgcacggact tcacatggc 240  
tcttttgtt 249

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 33:

65 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1246 Basenpaare

DE 198 18 620 A 1

- (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

20

- ### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33

25

aatggaaaggtaatttacccggggcccaccttgagacggaaaaaaattgggaaacact 60  
aaaaatggttgggtgaatttctacccaaaacctccagccgtgtggctgcactggcacaga 120  
atactaactgagtgtgactatttcaatgcaacaatgaaaacaaaaatgtgcctgtt 180  
taaaggactcagtagagggctgatgaaactaattttttcccttaagacatgcactctt 240  
gagtcctaca gtaactgagt gtttggtag acagcacaag aaggggtag agtgcgtctc 300  
ctagccttaatgtgggaggg tagttcagt cactcatcggtttcattat tgcagaaaa 360  
tattagaaaaaccattgtatcaattttatgtatggaaatacagcaaattgaaatttcc 420  
ataattatctaatttgtaaccacatcca gttgtatgcttactccttagagttcagatg 480  
aattcttaaaattaaaaaaactccatag tactaattttgttctttatagttgcg 540  
tttgatatta gttgttgcatttgattaaa gtcggaaagctgatggatgtgcatacacaa 600  
gaatgccacttttctttatccatcataccataatttaaaattgtatgtctaaaaacaa 660  
tttgacacgactaaagcatgagttactttcatctaaaccgtaaaaataatggattt 720  
tttatatttttcactggaa gaaattctctgttgatgaaaatcataatgtgttagata 780  
tattataaaatggactttaaaatcttacatggacttataatataatgtatggcgct 840  
agtatataagaacaatattccatataaataatgttgccttataaaaaatgtatggcgagg 900  
ctgacattacattgtgacttactaagtgtcaacagcccttacaaacattaatgtaat 960  
ggtttcaatggtcagcggttggtaatgtaatcatgttatttttattcatgttataatgtct 1020  
tttgatggaaaaggcttataatgtcagtagatctacgaaaatattgttcatactgatcagaat 1080  
taaatttgtatggcagatgtttaaaatgaaatgtaaatagcactaaacgtttcttct 1140  
gcaaccgtatcttacagattcttcgttaactaaataaaaaatgatgtgcaaaa 1200  
aaaaaaaaaaaaaaaagagacggagagagagagggcgctgg 1246

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 34:

50

- #### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LANGE: 215 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

DE 198 18 620 A 1

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34

ggaaaggcatt ttggatatatga tgcagggaaat ctcttcctgg agtcaaaaagt tcccaagagg 60  
tgctgtatTTT ttaagaataatg gagtttattt aaataataatgt taagcttgtg cccatgttgg120  
ccggggcaact tttttcaatg gtgcattatta gaagaagtgt tttcatctgg tcaatttaag180  
gaaataaaaac taggaaatgg agagggggggg agaga 215

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 35:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 734 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- #### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35

```

gctggccgggg gcctggggct cggcgtcggt cccccggggga tgtggagagc tggcagcatg 60
tcggcccgagc tggagatcggt gtgcgcattt cggggcggtga acgagcgcgt gcagcaggct120
gtggcgccggc ggcggcgggta tctcccaagcc atccagcccc ggctagtggc ggtcagcaa180
accaaacctg cagacatggt gatcgaggcc tatggacatg ggcagcgcac ttttggcgag240
aactacgttc aggaactgtc agaaaaaaagca tcaaattccca aaattctgtc tttgtgtct300
gagatccaaat ggcacttcat tggccaccta cagaaaaacaaa atgtcaacaa attgtatggct360
gtcccccaatc tcttcatgtc. gggaaacagtg gattctgtga agttggcaga caaatggac420
agttcctgtgc agagaaaaagg ttctcctgaa agttaaagg ttatgttcca gattaacacc480
agcggagaag agagtaaaca tggcccttcca ccttcagaga ccataggccat cgtggagcac540
ataaacggca agtgtcctaa cctggaggttt gtggggctga tgaccatagg aagcttggg600
catgatctta gtcaaggacc aaatccagac ttccagctgt tattgtcgtc cccggaaagag660
actgtggtaa aaagctgaac atccctgtc aacagggttga gctgatcatg ggcatgtccg720
tctgtaaact gcaa                                         734

```

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 36:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 314 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

25

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36

30

gctgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccgctggc cccacgtgaa gcagctgtcc 60  
ttgtgtggag gtacagagct agaccagcac tggccctcc agccccctgg tagcctctgc120  
tgcaactgaa ctggcagctt ttgccgctgc ctttagctct gcatgtatgc gcccctgaagg180  
ttctgcctct ctgttttggaa atccgccttc cctccatg tttggggacc tgcaagggtg240  
tgagggcacgt gagggcatcg ccatgcgtat tttacaggcc tctttctctg gactgtcttc300  
aaaggatgaa cttt 314

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 37:

40

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1839 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

60

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37

gcgggcgagg gcggagcaac agagcggccg ggagtaaggc ggagttagag gaggagctt 60  
atggaagcg gcgagaaggg gctaactga ttggaaacc agaggaaagg cgctgtttc 120  
accgaattag aatcgoggaa aaatacgagaa gagttttttt gaaggtctcg cgagatcgag 180  
tgagtacggc tcgccaagtt ggacgcctc cgcatagac acaccaacta ttcaagtcg 240  
aggggacggg agagggtgtg agacacttcg cgagattta aggacggcg gaggccagag 300  
ggaggagagg accggaagtc cttcatctca agcatccaaat gctgaaaacgg gcctgatttt 360  
ctctaccggc agccctttc cagaggctgg gaacacgccc cacctagcg gaagtcccc 420  
ctcccttggc tccgcaccc ttcccaagt ttttctgtca cctgtgttag gctccgtccc 480  
ctttccgcgt ttatccccg taccagaaaa ggatacattt agtgcctccc acccagctcc 540  
actaaacggc ctcccgctt cctgtgttg tggccgtgt gctgtgggaa gggggcccca 600  
cccgggggct cattcgagcg acctcgacc acaatgccag catggacttt gcagaccttc 660  
cagctctgtt tggggctacc ttgagccagg agggccttca ggggttcctt gtggaggctc 720  
acccagacaa tgcctgcagg cccattgccc caccaccccc agcccccggc aatgggtcag 780  
tctttattgc gctgctcga agattcgact gcaacttta cctcaaggc ctaaatgccc 840  
agaaggctgg atatggtgcg gctgttagtac acaatgtgaa ttccaaatgaa cttctgaaca 900  
tgtgttgaa tagtgagggaa atccagcagc agatctgtat cccgtctgtta tttattgggg 960  
agagaagctc cgagtacctg cgtgcctctt ttgtctacga gaagggggct cgggtgcttc 1020  
tggttccaga caataccctt cccttgggtt attacctcat ccctttcaca gggattgtgg 1080  
gactgctgg tttggccatg ggacgactaa tgatagctcg ttgtatggc caccggaaac 1140  
ggctccagcg gaatcgactt accaaagagc aactgaaaca gatttctaca catgactatc 1200  
agaaggagaga ccagttatgtat gtctgtgca ttgccttgc tgaatatgag gatggggac 1260  
agctgcgggt actccctgt gctcatgcct accacagccg ctgcgtggac ccctggctca 1320  
ctcagacccg gaagacctgc cccatttgc agcagccgt tcatcggtt cctggggacg 1380  
aagaccaaga ggaagaaact caagggcaag aggagggtga tgaaggggag ccaaggacc 1440  
accctgcctc agaaaaggacc ccacttttg gttctagccc cactttccc acctcccttg 1500  
gttccttagc cccagctccc ctgtttttc ctggcccttc aacagatccc ccactgtccc 1560  
ctccctcttc ccctgttatac ctggcttaat aaccccccac acatacacct ctggtgac 1620  
atttgcacag accgtcgctt tccctccagt ttcttgaggg ataggggaca ttccatccal 1680  
agcttctccc ttaccacac ctatcctttt gggggctt ggggtggggc tggggcaagc 1740  
agagggactg ggttttact tcttggcata ataaaattgt ttcttggg actaaaaaaaa 1800  
aaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 1839

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 38:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1931 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
herstellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

65

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38

۱۷

cagccgcgcg	ccatccctct	ttgtgtgctt	tggaaagccg	cggagctgggt	ggtggttaca	60
gttgggtttg	ggggcttagg	cgaggggacgt	taccggaaag	ttgcaggcgg	gaggactctt	120
ccccatccag	tcacctjaca	ggtcacaaac	atgtcagaca	aaagtgaatt	aaaggctgag	180
tttggAACGTA	agaAGCAGCG	actggcccaa	atcagagagg	aaaAGAAGAG	aaaAGAAGAA	240
gaaaggaaaa	aaaaAGAAAAC	agaccagaag	aaggaaAGCTG	ttgctcCTGT	gcaAGAAAGAA	300
tcagatcttg	aaaaaaaaAG	gagagaAGCT	gaagcATTG	ttcaAAAGCAT	ggggCTAACT	360
ccagaatccc	ccattgtccc	tcctcctatg	tctccatct	ccaaatctgt	gagcactcca	420
agtGAAGCTG	gaagCCAAGA	ctctggagat	ggcgcCTGG	gatctAGACG	aggacotatt	480
aaacttggaa	tggctaaaat	cacgcAACGTC	gactttcTCTC	ctcgAGAAAT	tgtcacgtat	540
acaAAAGAAA	ctcagactcc	agtttatggct	caacCCAAAG	aagatGAAGA	ggaAGATGAT	600
gatgtatgg	ctccctAAACC	acctattgaa	cctgaAGAAAG	agaaaaACTTT	aaAGAAAGAT	660
gaggAAAATG	atagtaaAGC	tcccccTCT	gagctgACTG	aagaGAAGAAA	gcaacAAATC	720
ttgcactctg	aggatTTTT	aagtTTCTT	gaccattCTA	caagaATTG	agaaAGAGCT	780
ctttctgagc	agattaACAT	tttcttGAC	tatagtGGGA	gagatttGGA	agacaAAAGAA	840
ggagagattc	aagcaggTGC	taaactgtca	ttaaatcgac	aatttttG	cgaacGTTGG	900
tcaaAGCATC	gggtggTTAG	ttgtttggat	ttgtcatctc	agtatccgg	gttactcGTG	960
gtttcctata	acaacaatga	agatGCCCT	catgagCTG	atggTGTGG	ctttgtatgg	1020
aatatgaaat	acaAAAAAAAC	taccccAGAG	tatgtgttC	actGCCAGTC	agctgtatg	1080
tctgccacat	ttgcaAAATT	tcatccaaat	cttggTGTG	gtggTACATA	ttcaggccaa	1140
attgtgttt	gggataACCG	tagcaataaa	agaactCCAG	tgcaAAAGAAC	tccactgtcal	1200
gcagcTGAC	acacacacCC	tgtatattgt	gtaaatgttG	ttggAACACA	aaatgctcac	1260
aatctgatta	gcatctctac	tgtggaaaa	atttGTTCA	ggagtCTGGA	catgtttcc	1320
catccacagg	atagcatgg	gttggTTCA	aaacAGTC	aagcAGTAGC	tgtgacatct	1380
atgtccttcc	ctgtggaga	tgtcaacaaac	tttggTTG	ggagtGAAGA	aggitctgt	1440
tacacAGCT	ggccGATGG	cagcaaAGCT	ggaatcAGT	agatgtttG	ggggCATCAA	1500
ggaccaatca	ctggcatcca	ttgtcatge	gctgtggag	cagtagactt	ctcacatctt	1560
tttgcactt	catgtttGA	ctggacAGTA	aagctttG	caactaaGAA	taacaAGCCT	1620
ttgtattcat	ttgaagataa	tgcagactat	tttatgtat	ttatgtgg	acctaccacal	1680
ccagccCTGT	ttgcctgtgt	ggatggcatg	ggggatTTG	atttgtggaa	tctcaataat	1740
gacacAGAGG	taccaactgc	cagcatttG	gtggaggGTA	atcctgtct	taatcgTGT	1800
agatggaccc	attctggaaG	gggaggtgtt	tgtggcgggA	ttctgaAGGA	caagtttG	1860
tatTTTGCAGA	tgTTGGGAGG	agcagtTTGT	tggccccccc	aatgtatggat	tggcgaCAGGT	1920
tgccccGACC	C					1931

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 39:

45

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 294 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

55

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

65

5 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39

15 agttaccatt gcctttctg tcttgtccg gtttgggtt gctgaaaacta gtccaaaaca 60  
20 gaaaaatttaa cagacagcca cagccaaaga gtgtcatgtg aattacaaga aatagagccc120  
25 atttagggaa agatagaact agaaaaggctt ttcatattataa ttccatgttg aacaatttag180  
30 tcatagcttc ttatcttgg aagaaggacac aattcaaagg ggcagtaagg attttgtaaa240  
35 acgtggcata cataattttac tatggagcaa gtgcccacat ctctaggaca ttaa 294

40 15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 40:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 882 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

40 35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

45 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

50 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40

55 tttttttttc tcattaacaa agcagtcaat tccctttatt tttaaaattt tatgtacaca 60  
tatgaatgat ctgtataatg tacattcaat atagaaaagct ttatataattt gatagtgtat120  
agaacatttc acaattacac tcatcttta cataacatct tgacatccat ttttaattt180  
60 ttttgcacaa gctcctttc attcaatttg gtaaaggccag ttatacatac taatgtgtac240  
tgtgagctt cagaaggta atgattgagg atgcccagtga aggggtgcagg gacaaaacct300  
aatagtctt gatgggtgggg ggaggatggc cacgcagact ttagtgcagga gagggaaata360  
ttctttctg gggaaaagtg acttagccca atttttgtt actgttagctc aaccctacag420  
tcatgctagt tcaaaaaaaaaa aattacaaaaa actaggaaga aagttttgtc ttttgatttc480  
acagttttgt aaacagatat aaaggaacaa atgtgcttac atacaccaag aaaaaaaaaa540  
ttcttgta cccacttatg ttgatccaca gagtgcatttc ttataatgtg atacaatttag600  
gatcaactgac tttttttctt aaaaatatat ttatagaaaa aggaataaca ctgtcatgaa660  
accaggagaa aggcagtaag agtttgcctt aacgtatcag ctggaggaat gtggacttgg720  
caactggcctt tcagcgat tttctctcg tgaatatttc aagttctgata gccaaaggctg780  
cctgcctcat ggtctacagg aggtggcagg ttagacatga ctgtatgtaga tgtactgcgg840  
taaggttagcc agcaactcca ggtcctgctt cagagagcta ca 882

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 41:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 179 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41

30

cttttccata ggttatggaa aagcaaatat acaatgattt taagttaggct tctggaaatag 60  
aaacagggtt ttgtaaagaccc caactgccacc ttgtatggact ggccccctttg agtctgaatc120  
cccgggcggtt gtgtacctygg acccaaccgg tagctgggccc aactccagtg aattcaccc 179

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 42:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 238 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

60

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42

65

# DE 198 18 620 A 1

5 gggaaaggcatt ttggatcatga tgccaggaaat gtgttacggg ggtcaaaagt tcccaagagg 60  
ttctgttattt ttaagaaaatg gaatttattt aaataatatt taaagcttgc gccccatgttg120  
ggcgccaaac tttttcaat ggtgcttattt aggagaagtt ttttcattttt gtcatttaagl180  
gaaataaaag tggaaatttga atatgggtgg catgttgcac ccgtttagtc tcttatgt 238

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 43:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 934 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
20 hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43

45 ctcgcgcggg acacaggggag cagcgagcac gcgtttcccg caaccggata ccatcgaca 60  
ggatttctcc gcctcagccc aacggggagg gctagttgc catagtgatt tagatgaaag120  
agctattgaa qctttaaaag aattcaatga agacggtgca ttggcagttc ttcaacagtt180  
taaagacagt gatctctctc atgttcagaa caaaagtgc tttttatgtg gactcatgaa240  
gacttacagg cagagagaaa aacaagggac caaagtagca gattcttagta aaggaccaga300  
tgaggcaaaa attaaggcac tcttggaaag aacaggctac acacttgatg tgaccactgg360  
acagaggaag tatggaggac caccctcaga ttccgtttat tcaggtcagc agcctctgt420  
tggcactgag atatttgtgg gaaagatccc aagagatcta tttgaggatg aacttgc480  
attatttgag aaagctggac ctatatggga tcttcgtctc atgatggatc cactcactgg540  
tctcaataga gtttatgcgt ttgtcacttt ttgtacaaaa gaagcagctc aggaggctgt600  
50 taaactgtat aataatcatg aaattcgttc tggaaaacat attgtgtct gcatctcagt660  
tggcaacaat aggcttttg tggctctat tcctaagagt aaaaccaagg aacagattct720  
tgaagaattt agcaaagtaa cagagggtct tacagacgtc attttataacc accaaccgga780  
tgacaagaaa aaaaacagag gcttttgtt tcttgaatat gaagatcaca aaacagctgc840  
ccaggcaagg cgtagttaa ttgagtggta aagtcaaggt ctggggggaa tgttgaaact900  
gttgaattt ggggtttcc gcttaggaag gttc 934

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 44:

### 60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel

DE 198 18 620 A 1

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44

ctcgccgg tcaattatga gttcctttat ttattggta gaaagattag caagtatgac 60  
gtatcaagg aatagaagtt atgtaccgag tggtaaagg ttgggggat atggagatgg120  
atgagaggga gctgtctggg aagctttgc ttcaacttggta tttagatggg gttgcgtgag180  
gaaataggtg tgtagaatga gaatgagggt catgacagcc tcctacaaaa c 231

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 45:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 669 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45

60

aggaaattcgt taaatgcctg aagaagccct tcggggatc ccaaaccctt gaacatttg 60  
aatgagcccc cagatagcaa tatccgaatg caaagccatc tggccttcca ccagagacaal20  
cccatttatg atttgcctgt tcctgtaaga gtgcggatc ctttccatc aactgcctga180  
tatcatcttc aggaagcaag tcccataaca tgacatatct ggattttgtg ccttagaacc240  
ttaaatttggaa agcattcttta attatgcatc taaaatttaaa agaagataat ttcaaaacag300

65

DE 198 18 620 A1

tgctttcttt cccttgggtt catcattttc atatcttaaa cccaaat+acc tgggtat+tg360  
acaacagcat catctacctc agtcatttagg at+tttaat aaaaaggaga ttgtat+ttt+420  
gacttgggta ttaagattat taaaatttagc ctttcctttg aaatatgaca tcagcttgc480  
tgttcttaat taaaatttag ttgcttcatc agtaccacac ttccagtttc tataccaagc540  
cagtctcctc agtttccca tttagaatgga cacgttctgt tcagcgtgtc atttctgtaa600  
tgcttcatgc agagagtttgc gtcatagttat taaagagaaaa atacagttag gtcacaatgt660  
ctccagagc 669

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 46:

- #### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 240 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- #### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46

cgtacacgtt ttcacatgat gctcacgctc agggcgcttc aattatccct ccccacaaag 60  
atagggtggcg cgtgtttcag ggtctctcgt ctctcteecta cagaaaagaa aaagaaaaaaal20  
atgtcatttag aagaggcgta acacgtcagt ccgtccccag gtttgtgtt cctggagtgg180  
ccgaaagaga tcagttctaa cctgctctgc aggaataacg gtccctgcctc ccgacactct240

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 47:

- #### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 228 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

# DE 198 18 620 A 1

- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: 5
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47 10
- ```

agagcagatc agaggcaggg ggaaaagcac gcagagggag gagctgaaga gctgagaccc 60
ggagccaggg acagcttaat gaagacaaac tgaaggggaa actgagatgc tttagaaagcc 120
cagctataca actctaccacaaatacttc ccttagggaa tgtaaaaagt actactggag 180
atgaaagac agaaaaacag ctatggcag aaggccaagg ggtgatag 228

```
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 48: 20
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1229 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear 25
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 30
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN 35
- (iii) ANTI-SENSE: NEIN 35
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN: 40
- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library 45
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 48
- ```

aaaaaaaaaa aaaaaagagt taatcttagga gataatgaat ggcctagtac tagataatat 60
atggccccac aagctcttga cttctgtcct tggggaaagc cattttgtta accacactag 120
tgagatttac atgatgttta atggagaaca gagaagatct tggtaaaaa ggtgtattaa 180
atatttgtc tgtttctgtt tgagatttgg aacttttcc cacctctc ac ccctatttcc 240
tataaggata tccagagaag ccaaactgtt ctgtgggtt gggaaatggc atttcccggg 300
aaaatgcac tggatcgatg actaaacctg gccccttct ctgggctgtt gtgaagccgc 360
atttcacgc tggctggcag tggctgttgc gcctcgaatg ctctgcggcg tagtgcctt 420
ctgccctgcc tgacgtatgtc tcgaaaagat gagagtggc gagactttgt gcagcaggaa 480
acgggttaggt gaggtgttgg gcaacttctgtt gaggattaca gagttggtaga 540
atcggtttaa actctgttattt ggacttcgc ttgggtggac tgggtgccta tacctgcctt 600
tgggtgttgc agtgtgcagg ttctttgtt tggatgttgc cgtgtggaa cctgtgtttt 660
tcatattttt cttcattttca caaggcttt ttttgaagca gtggcagtat gcctttgttt 720
caagaacaca tggaaattttt ttaaacaccat attagtgtt tacccaaat gaacggttct 780
agcccttat taagaaataa aggaccata agcattttgg ctgcttatgg ctgtgtgttta 840
ctacttacaa gagtcttggaa aattatacag aactttgcct tctttttta atgtcttcca 900
caatgttggt actgattata accctgtttc ccctcagaga agagctatgg ctcaggatc 960

```

# DE 198 18 620 A 1

tgtgttgact ctggcattta gtggctttgt gaaggaaaga aaccat<sub>aaa</sub> tgac<sub>c</sub>tgaca<sub>1020</sub>  
aaaactgact catgtctta aagttagtga agccactttt aggaaatgtta ctctcg<sub>ttt</sub>ty<sub>1080</sub>  
cttttgtcta attctaatgg gctt<sub>aa</sub>agcc aagaaaacca tagtataat cttttt<sub>ttt</sub>tg<sub>1140</sub>  
taccctatgg ctatgtttt aaatggcag ttccgttg<sub>g</sub> gataaagtat ccagtca<sub>ctt</sub>1200  
cagg<sub>ttt</sub>ccg tggaaagg<sub>ttt</sub> ttat<sub>ttt</sub>gggg 1229

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 49:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 750 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
herstellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

28 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 49

45 gtgagggaca gatggacaga atgcagaggt acatagatga gctgaggctg atccagctcc 60  
cctgaaattc agagtgttaa cttttagac cctgcacaat ctcttgg<sub>tc</sub> tatctagcc<sub>a</sub>120  
ttaccccat tttttttta aagccatct gaaattccat ttgtcatgg<sub>t</sub> gggaa<sub>gg</sub>catt<sub>180</sub>  
ttggatatga tgcagggaaat ctttcctgg agtcaa<sub>aa</sub>agt tcccaagagg tcctgtat<sub>t</sub>ttt<sub>240</sub>  
ttaagaaatg gaatttat<sub>t</sub> aaataatatt taagcttg<sub>t</sub> cccatgttgg ccgggcaact<sub>300</sub>  
ttttcaatg gtgcttatta gaagaagttt ttcatcttg tcatttt<sub>ta</sub>ag aaaataaaac<sub>360</sub>  
tgaaaattga atatgggtgg catgattgt<sub>a</sub> cccttttagt tctcttattt ttctactcct<sub>420</sub>  
ctgtccctct ataactatgc catactt<sub>a</sub> gatgctggc cactgaatgc tgagatgatc<sub>480</sub>  
tgggggggg ggtttttttt ttttaagaaa tattttcact ggttttctgt gactctctaa<sub>540</sub>  
acacttcato gaaacttagga agactgaatt atgagggaaa ctat<sub>t</sub>gg<sub>g</sub> ttat<sub>gg</sub>ttggca<sub>600</sub>  
gaaacgatga aatcttata<sub>g</sub> atctttgac agtttcttg<sub>t</sub> tttaggggg<sub>g</sub> gcctaggact<sub>660</sub>  
gatatccaag ttcttccat atccaagctt cattgggg<sub>g</sub> ccccat<sub>tt</sub>g gctttaacag<sub>720</sub>  
gtgacccggc cctcttacc<sub>t</sub> gggcttccag 750

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 50:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 231 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50

20

gaggccggga gtggaaaccgc ctctttttag aaggttgccct gactcagaga cacagaaaacg 60  
 ggtccaggga tggggagaga tggggatgtga ggaaagggttt gcatttggaa aaggaagtgc120  
 gagaacacac tgggacattt taacacattt gaaccatctt ctgatagaaa ggtgttggcc180  
 tcctaataat gggagggtcg gcccagggtcc tcgggcatag ggagagggtc c 231

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 51:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 1340 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51

tttggcatca tttacaattt catagaatta ctgtgaaggc ctttcttagtt gagatgttgg 60  
 ggtattttggg attctaattt ttaaccccg aagaaggtaa tttagcttgt atttatattaa 120  
 aaccatattt gcctttact tatactgtgt agaattccag tgatcatect aataaggat 180  
 atttcagaat aatttttttt tccttcagaa taacttagaa tcagatgtca taagggtctcc 240  
 taggagcagt gtgaaatttc cgtaaagata aatttgaatg ttgttaaccaa gtttatatta 300  
 aaccaagagg ccatttccaa tatgatttt tgttcttt taacttgtta agtccctaag 360  
 agattacatg ctaggcctt agtcatttctt attgttagata atgatggccc acacagtcac 420

60

65

DE 198 18 620 A 1

	cttcaactat	ccacataaagc	taggctttcc	gtttttggcca	gggacaytgt	gaccaagata	480
	tttccagagt	aaataaaccc	ccacaacacct	ggtaattcc	cttccttct	taugctc	540
	gaagcgaaag	cagaaggact	cttttcagac	tgcctctgt	agctacatt	gcagctttcc	600
5	aaaacaggca	gctagca	tgaaagcccc	tgtggtgacc	ccatatttt	ctgagg	660
	tcttttccat	ggtgttactt	tattatcaga	aagtaaattc	agaaaaacagg	tcttgc	720
	agcagacaag	aaccacacca	gttcttgt	aaggtaacgg	atacattggg	attcagg	780
	gacacagagg	tccagcccc	gaacttgtaa	ggattttgtt	tgaacactga	gcagatgc	840
10	cctccctgcc	accateaca	ctagtttaggg	ctggccatga	attctatg	ccctactc	900
	ctgcagtctg	ctagggatgg	gccttcttat	cccactctcg	cacacatccc	agtctag	960
	ttgccttcac	agagtctcc	ttgacaccccc	tgacttaatg	atagttgt	ttttggagta	1020
	gaattgatca	ggttaagtc	atctgtctca	ggttggccat	agtggctcat	gcctgtatc	1080
	tca	ggagccaa	agtgggagga	ttgcttg	ccaggagttc	caaaccatcc	1140
15	tggcaacag	agggagacc	tgtctctacc	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaa	aaagttaaa	1200
	aaacaattag	ctggac	tggcacac	tca	gaggtgaaag	gattcctt	1260
	acatgggaga	ctgaagatgc	agtggccat	gaatcagca	ctgcacacca	gtatgagaga	1320
	aaaagtggaa	ccctatcaca					1340

**(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 52:**

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 226 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

<sup>30</sup> (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:52

50 gccagattc cgggttttgc gatgtttcc agaggtttc aagtggaaag 60  
agagagcga caaggtaaa atgccccgtg ccggggcgctc cagcggagtc ctgccagctg120  
tccggcggtg gggtgacgt ctgatttatg aaggtgccta tccacctatac tgagtacctg180  
acttgtgagg actgacaact acagcatcag gtacaaagtt gttctt 226

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 53:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 611 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53

20

gcagctgcag cggcagcagc ggcagcagag gcagcagcag tagccaccac tccggcagg 60  
ccgcaacccc ggctcgect cccaggccc cgccgctgcc gcagtcatgg ctgtgtatgg 120  
ggtggacgaa cgctcgctc tgctgtcage atccccactcc gaaaatgtca ctcccacccgc 180  
cccacccgtac ttgcaagaaa gcagccccag agcggagttc cacctccata tacagccatt 240  
gccagttccag acgcccagtgg tattccagta ataaaactgcc gtgtgtgccaa atcactaactc 300  
aattttggatg gcaagcttca ccagcatgtt gtttaagtgtca cagtttgc aa tgaagctacg 360  
ccaatcaaaaa acccccccaac aggcaagaaa tatgttagat gcccttgtaa ttgtcttc 420  
atttgtaagg acacatctcg gccaatagga tgcccaagac ccaactgttag acggataatt 480  
aaccttggcc cagtaatgtt tatttctgaa ggaacaacca gctcagccctg cattgccccaa 540  
tcccaaccag aagggtacaa gggctgtgtt tggggcacg gttggggaaac acattccctt 600  
tggatggga c 611

25

30

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 54:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

40

- (A) LÄNGE: 689 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

55

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

60

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54

gcccaccgga cgcagggggc tggcgaaaac gtgaagctcc ggggtgcctg atggggccgt 60

65

DE 198 18 620 A 1

5	tggcgccg	gtagctgttg	ctgttgggg	acccccctcat	tcctgcgcgt	gccgtcccttgt	120
	ctgcctatg	gcggccatcg	gagttcacct	gggctgcacc	ccagcctgtg	tggccgtetal	190
	taaggatggc	cgggctggtg	tggttgcaaa	tgatgcgggt	gaccgaggtt	ctccagctgt	240
	tgttgcttac	tcaaaaaatg	aagagattgt	tggattggca	gcaaaacaaa	gtagaataag	300
	aaatatttca	aatacagtaa	tgaaagtaaa	gcagatccgt	ggcagaagct	ccagtgatcc	360
	acaagctcag	aaatacatcg	cggaaaagttaa	atgttagtc	attaaaaaaaa	atggaaaatt	420
	acgatatgaa	atagatactg	gagaagaaac	aaaatttgtt	aacccagaag	atgttgcag	480
	actgatattt	agtaaaatga	aagaaacggc	acattctgtt	ttgggctcag	atgcaaatga	540
	tgttagttatt	actgtcccg	ttgattttgg	agaaaaagcaa	aaaaatgttc	ttggagaagc	600
	agcttagagct	gctggattta	atgtttgcg	attaattcac	gaaccgtctg	cagctttct	660
	tgccttatgga	gttggacaag	actcccccta				689

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 55:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

  - (A) LÄNGE: 560 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

35 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55

agaaaatgga cgctgacatc aatgtcacaa aagcggatgt taaaaaggcc cgacaacaag 60  
ctcaaatacg tcacccaaatg gcagaggaca gcaaagcaga ttactcatcc attctccaga120  
aattcaacca tgagc<sup>g</sup>cat gaatattacc atactcacat ccccaacatc ttccagaaaa180  
tacaagagag cgaggagaaag gaggatttg agaatgggag agtccatgaa gacatatgca240  
gagggttgcgc ggcaggttat cccaaatcatt gggaaagtgcc tggatggaat agtaaaaagca300  
gcccgaatcaa ttgatcagaa aaatgattca cagctggtaa tagaagctta taaatcaggg360  
tttgagcctc ctggagacat tgaatttgag gattacactc agccaatgaa gcgcactgtg420  
tcagataaaca gccttcaaa ttccagagga gaaggcaaac cagacctcaa atttggtgtgc480  
aaatccaaag gaaagttatg gccgttcatc aaaaaaaaaata agcttatgtc ccttttaacg540  
ggggggcccat tcagcttcag 560

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 56:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

  - (A) LÄNGE: 851 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56

20

gaagaagagt aagaaggaca agaaggccaa agctggctg gagagcgggg ccgagccgg 60  
agatggggac agtgatacca ccagcaaaag agttagaatt ggtttctgag tagtgaaggc120  
cacttgaagc tggagagaaa actaaaggct tattgagaaaa acatgttata gatcctttg180  
ttgctgagag agtggAACAT agtcctaga cagggtaag agttctggca catttttagct240  
gctactttga gacctcggtg atgttacctg gtgtggcat cccatcttgc cctgttttaa300  
ggatatgggt ggtgaaagat gaaagagggaa gagtttatcc caatgacttc tctgttttag360  
ttggaaagcc tcacccttag acccagtaac tgtccgcagc tgctctgt tagtgggttcc420  
aacatcgtag tcctagttt catttttaa atccccctctg tttaaaaggt ttgtaaaaca480  
aaaacaaaaaa actaagtctg cttagtggaa tgctgttagaa ccctaaataa gtggtagaaag540  
agtgtcaactg aattttgtct ctgaatttag tataacttag ttttgtccat gctgggtgtct600  
gggttatagg cctgatgggc ctggtagttt tccatcttgc tctggccttag aggtcaggtcc660  
tttgcacttc ctcaaagctt gtgtacagtg ctcacccaaa tccatctgac tacttgggtcc720  
tgtgccctct tggtaggc ctctgttact tttaaaaaat gaaattgttc attgtctggaa780  
gaagaatgtt gtaattttta ctattaaag tcaacttggaa aagttttaaa aaaaaaaaaa840  
aaaaaaaaaa a 851

25

30

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

45

- (A) LÄNGE: 1354 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

55

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

60

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:57

cttaccaaca gcctttctgc taagttctgt tttttggata tttatgactt ggttcatctt 60  
atttttcct gathtagcag gagccccc ttatttcagt ttcatttca gcatagttagc 120  
ctttctatac tttttctata agacttggc aactgatcca ggcttcacta aggcttctga 180  
agaagaaaag aaagtgaata tcacccct tgcagaaact ggctctctgg acttcagaac 240  
attttgtaca tcatgtctta taaggaagcc attaaggta ctcactgccc atgtatgcaa 300  
ctgctgtgtg gctcgatatg atcaacactg cctgtggact ggacgggtca taggttttg 360  
caaccatcac tattacatat tcttcttgc ttcccttcc atggatgtg gctggattat 420  
atatggatct ttcatctatt tgccagtc ttgtgccaca acattcaaag aagatggatt 480  
atggacttac ctcaatcaga ttgtggcctg ttccccttg gtttatata tcttgtatgct 540  
agcaacttcc catttctcat ggtcaacatt tttattatta aatcaactct ttcagattgc 600  
ctttctggc ctgacccccc atgagagaat cagcctgcag aagcagagca agcatatgaa 660  
20 acagacgtt tccctcagga agacaccata caatcttgc ttcatgcaga acctggcaga 720  
tttcttcag tggctgtct ttggcttggt gaagccctgt gtggtagatt ggacatcaca 780  
gtacaccatg gtcttcacc cagccaggaa gaaggttctt cgctcagttt gaagaaaaagc 840  
aaccctaaac tctcaatctg atttgtttt gtttatgtcg atgcctgtt gtttggaaagt 900  
gaagtaaaaat ttttagaattt acctaagtcc aaaggaaaac acgtgggttt taaagccatt 960  
25 aggtaaaaaa agttctcaat aaaggcatttta caattttttt ggttttagaaa gatggactt 1020  
tctgataaat ttggcagac atctaaaaaa aaaaccatat ttttcacaag aaaaatgcaag 1080  
ttactttttt tggaaataat actcactgt tatggataaa atggataattt ttcatgatact 1140  
atattggctg tttcaaaaata gtactattct ttaaacttgt aatttttgct aagttatttg 1200  
tctttgttgt atctataaat atgaaaaaa tatttaataa gatgtacctg ttttgcattc 1260  
30 acacttaata aaaaattttt tttgtaaaaa ggaaaaaaaaa aagaagagga aaaagaagag 1320  
aaaggagagg ggaagaaaga ggagaaggca agga 1354

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 268 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58

65 cgtatctct cctcagtaaa accaagggtgc atttttctgg acccacctat cttgggggtg 60  
attaggatgta gagggttgta aataacttaaa atttttttcc ttctgtat aattattgtat 120  
ctccttcttag aagtccgtc gtcttgcgtg gagaattttt attaaggat cttttgttag 180  
aagaatctct aatgtccctt ttcatccag atctacactt gatgaatcct aaagctattt 240  
ctacacagtt ctttattca gtttcccc 268

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 59:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 752 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59

30

tgacaaaaga aatggaaataa tttcaaaaaa gtttaagtccct gagaagacaa ccctgaaatc 60  
tattttggaaa agaaaaaggca ccagtgtat cagtgtatcaa tctgtatgaca ttgaaatttc120  
ttccaaagtca agatgtaaagaa agagagctag ttcatgttggg tttaaagagaaa taaaagaaaac180  
caaaaagaaa ctccacaatt ctcccaaaac aatgtaaacaaa acaaaccacaa tgatgcagc240  
aaatgaggat cataactctc agtttattga tgattattca tccttcagatg agagtttatac300  
cgtagccac ttcatgttct ctaaacacagag ccacacatcca agaactataa gagacagaac360  
tagtttttct tcaaaattgc ctatccatca taagaaaaat agcactttta ttccaagaaaa420  
accaatgaaa tggtaaatg agggaaagttg ttaatcaaga gcagtcgtat gaatcaatgg480  
ataaattttt agatggcggtt caggaagtgg cttatattca ctcaaaaccac aatgtaaatg540  
gatcgagcaa agctgaaaat cacatgagcc gatggggcagc acatgacgtt tttgagttga600  
acagttttc acagctgaca gctaaacatag ctgtttgcag ttctaaagaca tataaaagaaa660  
aagtggatgc agatacattg ccacacacaa agaaaggcca gcaaccgagt gaaggcagca720  
tttcacttcc tctttacatt tcaaaatccctg ta 752

35

40

45

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 60:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

50

- (A) LÄNGE: 1389 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

65

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60

```

gaactccaag ttagtggatt gcagaatgga aacttggcgtt ttgcggcaact gggtgagttt 60
tagtttgtt gtgtcttgcgtt ggggggtgtt gatgattgtc tcagcactca cgcactgcac 120
aagaaggcgag caggatacag cactgcacaa gatggcagct cctctgcagc ttccctccta 180
gcctccctcc ttgcaccccc acaggttttt cttgtggttt ttgtcatca taacctactg 240
cctgagatca tgatcttta aaagatgaga ctctcggaaag gtttgattgt atgcgtcagt 300
gagccttcta tcacccctcg gaacaaagtc acttggaaatc tcttgatgag attaaggagt 360
ttagtqttac taagaaaatc tgctttggc cgccggcgtt ctgggtgttc tcagacactg 420
ctgaggaagt tagctgcggg ctgcctgtg ggctgggtgt tcaggaggaa tccagagaaag 480
tgttcagatg ccccccttgg gtccttttct aattttatc agctctttaa atagctgcc 540
atctccctgtg attgcacaac caagcactt gacatttgca cctttaggaga ggcagatgtt 600
aaaaatggaat ccaaagacca ccttagggcgg ggctgggtgg gagatgggag ggcaactgc 660
gagctgcctcc acttcicagc tctccctgtc cctgcagcccc tggccagac aaggccagaa 720
ggtttcaggg gcatttgcata tcccctccgt gttctcacca gaaaaacatc caaagctttg 780
gaggaaacag gcccgtcccc tggctcccta aatgcggcgt ctctttgtaa actgatattc 840
agccagcaat gcctaaagact ttgttaagat cattttctact gtttttctt ctgcttcaaa 900
casacacgtt qtcctcgagg aaagttaaat aaatggata agatggaaattt ggttaaggag 960
atataccaaag ctaccacgtt ctttgaccca gcacagtgg ccggcccggt tcactccctg 1020
gctgtcggtt cttctctgtg ctcaactgaa ggtggccgg gccagtgctt ccccgcccc 1080
tggggctgtt cactacacag tggaaaacacg acaagccggc cttttccca atcccaagag 1140
tgtcttgcgtt cttgtgggt gtcatgcata atgtttctgaa gggtccaggg ccacttgg 1200
tgtttaaytayt dtctgggcct caaaatccca tagtagctgc ttgtataaaat tctaaaaata 1260
tctgggttcic tattatgtaa acactattac agtcaccagg gtgtgaagac tcttgagtct 1320
gggtctcata tcagagtcat cattttctt cctgtggaaat aaaatgcctt gtggacttcc 1380
aaaaaaaaaa 1389

```

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 61:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 726 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

55 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

(iii) ANTI-SENSE NMR

63 LIEBKUNDT

# DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 61

cgtatctgtc cgacggaag caggaagcg gaggcgttagg gccacgcctg cggcgctgt 60  
gttgaggct gtgtgggtgg gggacgggcc gaggcgatgg cggagaagt tgaccaccta 120  
gaggagcacc tggagaagtt cgtggagaac attcggcagc tcggcatcat cgtcagtgac 180  
ttccagccca gcagccaggc cggctcaac caaaagctga atttattgt tactggctta 240  
caggatatty acaagtgcag acagcagctt catgatatta ctgtaccgtt agaagttttt 300  
gaatatatac atcaaggctc aaatccccag ctctcacacca aagagtgcct ggagagggc 360  
ctagctaaaa atgagcaagt taaaggcaag atcgacacca tgaagaaatt taaaagcctg 420  
tgtattcaag aactttctaa agtatttccg gaagacatgg ctaagtatcg aagcatccgg 480  
ggggaggatc acccgcccttc ttaaccagct caccctccct gtgtgaagat cccctggac 540  
tgtcgatgcgg cgtgaggtcg ggactgcgc tgctgacgac accttccctgc tgaggtggaa 600  
ctggccctgt gacacacccc tcagcccttc tgtcctcatt gtttggccctc atgggaccga 660  
ggggctggag gagaggcgg a gtgtgccaaga gggtaaga ggttgggttgg ggtgaaatgg 720  
726

5

10

15

20

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 62:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 681 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

50

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 62

55

ggctgagaaa aatggggggaa gacataaacac ccacgaatga aaatacagat ttaagagaag 60  
gaaccagtaa agtaggagac agatgtgaag gaaatggaaa tgaggcaaga ggacattggaa 120  
agagagaagt ttgctgtcca ggagccaggt ctggagcatc agtgtgaggg agttcaggta 180  
ggctgggcct gtgcctctag gttagggacaa gggaggctgg gttagccaggc ctgggtctta 240  
aaacccctga ggcctatgac tcattggctg cctttgttagc atcctgtctt cttctgtgtc 300  
gcctggttt atctcatctc acctggattc aaagggttaag gtgggcatgg gtcttggcc 360  
tgacacccac caaggatgac ctgtggactg ccattcgatg ctgaacacagg agatgaaagg 420  
aggtcctctt accataaccc tctgccaacc ccccagtagg ccactgttct gactttgtt 480  
ccagaataatc cagaaatcca aagggtctgt tgctgaacag tctgcaggac cagtgcacgc 540  
acctacactgt tgccttccaaagg catacaaagg agccctcaac gctcatgttt ctcttaatca 600  
gcccattacaa gacagacaga aaaggaaggg gttagggaga aggttgaaagc tgcggatgtt 660  
gactctgttt cattcctgaa g 681

60

65

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 63:

### 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1116 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 63

ggcccacact gagcagattc tttgttagaa ttttcaactt gagactaaca caagtatttc 60  
ctttctgtt cagttctcca aatgacaaga agtcttttg ctcaattgaa gggaaatgga 120  
atggtgtat gtatgcaaaa tatcaacag gggaaaatac agtctttgtt gataccaaga 180  
agtgcctat aatcaagaag aaagttagga agttggaga tcagaacgag tatgaatccc 240  
gcagcctttt gaaggatgtc actttcaact taaaaatcatc agacattgtat gcagcaactg 300  
aagcaaagca caggcttggaa gaaagacaaa gagcagaagc ccgagaaaagg aaggagaagg 360  
aaatccatgt ggagacaagg ttatccatg aagatggaga atgtcggtt tatgtgaac 420  
40 cattactgaa acgtctttgtt gctgccaagc attagtttg aagatgcataa gtttataacct 480  
gatgtatcagg gcagtaggca taattcagca acaaacaatc ttcccttggg agaaacctgt 540  
tcattccaat cttctaatta cagtggttcc tatctcaggg atactggact ttctgacgca 600  
gatgaacaat taagggggaaa agttccctt ttccctctgt ggcagttacg attttgactt 660  
45 cagtcctgag aaaaacttca ggttttggaaa atcagatgtat gtcttctctt tttccaaaca 720  
ccacacgttg aaagcattta taaatccaag tctgaaactc tgcgctctag tactgcttt 780  
aagatacaca acttggttct tagttcatat aatctcgcccc acacacatac gtatacacac 840  
acatacatat atataaaatat acctgtatgcc agatttttt cataaaatatt ctgcctactg 900  
taaatatggg ttccctctgag ttgttttaga aaatttagcgc aatgtattaa aatcaagtgt 960  
50 taggaaattt catggcttta cctacaataa cttttatattt ggaattgaac tattattaaal020  
ttgttatctaa tcctggata cagtttaatt aattattttt agtgccttaag gtttcataaaal080  
gtaatttttc caacctttt tttaaaaaaaa aaaaaaa 1116

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 64:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 226 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 64

20

aacagttggg aggttcttag ctcttttag ggtcttaaca aagggtttt 60  
agaccgaggc ctataacttt ttctgtgaca ggcaaggtag taaataggtta agggtttgca120  
ggccagacca tctctgggtgt gatgactgca ctctaccgtt gtaaaaggaa agcagccatal80  
ggccaatatg taaacaaatg agcaagggtg tgtgccgta aaacctt 226

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 65:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 806 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

55

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 65

tccaaagggtt cttagtcct tcctaagccc cacagtactt tcccgtagtc ctgaggctt 60  
ggacctcctg gggttcttac ctccctccc cattgctgag acagtctgag aagaggctt120  
gaaatggtc tgtggagtt tattcatctg tctctccat ttacctctcc caaaccaggaa180  
ttccacttc tcaaacctgc tgtgatctca caactggagg gaggaagtga gctggggggc240

60

65

# DE 198 18 620 A 1

tcatctccac tggctgcagg aacaggcctc cagggctccc agactgatat tcagactgac300  
aatgattga caaaggaaat gtagaagga aaagagaatg tatcatttga acttcaaaga360  
gactttccc aggaacaga ctttcagaa gcctcttcc tagagaaaaca acaggaagtc420  
caactcagcag gaaatataaa gaaggagaag agcaacacca ttgatggAAC agtggaaatg480  
gagacaaggcc cggtggagga gtgtttttt agtcaaagtta caaactcata tcagtgtcat540  
accatcactg gagacgagcc ctctgggtgt acaggattgg ggaatccat cagcttgat600  
acaaaaactcg tgaagcatga aataattaat tctgagaaa gacctttcaa atgtgaagaa660  
tttagtagagc ctttaggtg tgactctcaa cttattcaac catcaagaga acaacactga720  
gaaaaggcct tatcaagtgtt cggagtggtgg caaagcttc agcattaatg agaaattaat780  
ttggcatcag agacttcaca gtgggg 806

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 66:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 241 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 66

45 ggtggaaatt ttttggcccc agtatttggg ggggtatagg ggttagagggt tggtaataact 60  
taaaatttttt ttcctttctg gtataattat tgatctcctt ctagaagtcc tgcgtcttt120  
gctggagaat ttttatttaa gcatccgtt gtagaagaat ctctaatgtc cggttttcat180  
ccagatctac aattgatgaa tcctaaaggat atttctacaa agttccgtt ttcagtttc240  
c 241

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 67:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 266 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

5

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 67

15

```
gcggatccgg cgttctgcac ttagtctttc caagggtgta cagagatggc ggcgggtttt 60
cgaaaggccgg gtaagtcccg gcagcgggaa cacagagagc gaagccagtg actaccgtaa120
aaaacaagg acctcaaagg tggtcggaaag aagggtgttg aaaaaaatcc agtgagttct180
actacaaaat gactcgggtt aaactccagg gtggggtaca aattat 226
```

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

- (A) LÄNGE: 151 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

35

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

40

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 68

50

```
ggtgctgggg agccactgaa ccaaccggag acccggttgtt cccacgtgaa gcagctgtcc 60
tggtggtggag gtacagaggt agaccagcac tggtcccttc agccccctgg tagcctgtgg120
tgcaactgaa ctggcaggtg ttggccggc t 151
```

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 69:

60

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2042 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

65

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 69

cgacggccgtcg ccttccggagc gaagggtacc agcccccgcg aagctcgagg ctctcggggt 60  
atcgaggagg caggccccgcg ggccgcacggg cgaggcgccg gggagccgga gcggccggagg 120  
agccggcagc agccggcgcc cgggctccag gcgaggcggt cgacgctcct gaaaacttgc 180  
gcgcgcgcctc gcgccactgc gccccggagcg atgaagatgg tcgcgcctg gacgcggttc 240  
tactccaaca gctgctgctt gtgcgtccat gtccgcaccg gcaccatcct gtcgcgcgtc 300  
tggtatctga tcatcaatgc tgtggtaactg ttgattttat tgagtgcctt ggctgatcc 360  
gatcagtata acttttcaag ttctgaactg ggaggtgact ttgagttcat ggatgatgcc 420  
aacatgtgca ttgccattgc gatttcttctt ctcatgatcc tgatatgtgc tatggctact 480  
tacggagcgt acaagcaacg cgcagctgga tcatccattt cttctgttac cagatcttg 540  
actttgcct gaacatgttg gtttcaatca ctgtgcctt atatccaaac tccattcagg 600  
aatacatacg gcaactgcct cctaattttc cctacagaga tgatgtcatc ttagtgcatt 660  
ctacctgttt ggtccttattt attcttctgt ttatttagcat tattttgact ttaagggtt 720  
acttgattag ctgtgttgg aactgtcattt gatacatcaa tggtaggaac tcctctgtat 780  
tcctggttta tgttaccagc aatgacacta cgggtctgct acccccgat gatgatgcca 840  
ctgtgaatgg tgctgccaag gagccaccgc caccttacgt gtctgcctaa gccttcaagt 900  
ggccggagtg agggcagcag cttgactttt cagacatctg agcaatagtt ctgttatttc 960  
acttttgcctt tgagcctctc tgagcttgg tggtagtgcgaa atgctacttt taaaatttal020  
gatgttagat taaaacttgt agtttcaac atatgcctt ctagaacact gtgatagatt1080  
aactgttagaa ttcttcctgt acgattgggg atataacggg cttcaacta cttcccttaggl140  
cattgaaact tcccccaaat ctgatggacc tagaagtctg cttttgtacc tgctggcccl200  
caaagtggg cattttctc tctgttccct ctctttgaa aatgtaaaat aaaacccaaa1260  
atagacaact ttttcttcag ccattccagc atagagaaca aacacctatg gaaacaggaal320  
tgtcaattgt gtaatcatttgc ttcttaattt gtaaatagaa gtcctttagt atgtgttacal380  
agaattttccc ccacaacatc ctttatgact gaaggtaat gacagttttgt gtttgggtt1440  
aaaggatttt ctccatggcc tgaattaaga ccatttagaaa gcaccaggcc gtgggagcagl500  
tgaccatctg ctgactgttgc ttgtggatct tggccagg gacatgggt gacatgcctcl560  
gtatgtgtt gagggtggaa cccaggcccc gctttacta agtgttctgc cctagattgg1680  
ctccctggatt cacatccccca gactttatca agtgaattt ggtatattt gatataacttc1740  
ttcaaggagg tcatccaact gtttttctt tccctgcaag ctacatccctt ctgcttgaal1800  
tgcctaaaca catggaaaag ctttttaaaa tgtaaacatt ttcagaaaaaa tgaggattgc1860  
cttccaagta tgctctgtca accttgacta cctgaatttgc aagggatttt tataatttc1920  
cttccttgta tgcgctttt tctccctgtt gttcattattt gaatgtgctg taaattaagt1980  
tatgttacaa agtcagcaac tttgcccaca tccaaaaaaaaaaa aaaaaaaaaaaa aaaaatggtgg2040  
cg

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 70:

# DE 198 18 620 A 1

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 147 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear 5
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 10
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN 15
- (v) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN: 20
- (vi) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 25
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 70
- gaaaaaggga tccaggacat gaggggaccc tgtcccatgg ggtccccctgc tctgcaacac 60  
acaggtagtc ccagtctag catggctca ggtaagggtc aactgtgcct ttgtcagtg 120  
gtgtgatctc gggtcattgg ggctccg 147 30
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 71: 35
- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 143 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear 40
- (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 45
- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN 50
- (iv) ANTI-SENSE: NEIN
- (v) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN: 55
- (vi) SONSTIGE HERKUNFT:  
(A) BIBLIOTHEK: cDNA library 60
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 71
- gaaaaaggga tccagggat gaggggaccc tgtgccatgg ggtccccctgc tgttcaacaa 60  
aaaggtagtc ccagtctag catggctca ggtaagggtc aactgtgcct ttgtcaatt 120  
gtgtgatctg gggtcattgg ggc 143 65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 72:

## 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2980 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- 10 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

## 20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 72

35	agcagagttt	gccagaaatg	cctcctgctg	ccccagccct	agagagctcc	catctcaatc	60	
	attgagccctg	aaggctcaa	gccccagaat	gcaacaagac	ccccagccct	catttctctag	120	
	ctccccctgg	gccagctgtat	cctgtaacgc	tgctggaggt	cagtctgagc	taccaagact	180	
	gtcccttagac	aaaggtggag	tccccacac	tgcccaagac	caaattccctc	actcaacctg	240	
	ctgagggtgt	gatggggaaa	cagaggcataa	actgaggcac	ctgtatgcatt	cagectgctg	300	
	tgcagcgttg	ccattgtactg	ccctgtatgtt	cagagagaaa	cgcacacaag	gtttgcccatt	360	
	gagaatiggg	gagcagatgg	ccaagcagat	agtttatgtc	tgttttctga	gtgatgaagt	420	
	caggaagccc	tgtggctctg	gaggccactt	gtggttcatt	cttttcccat	atccttggct	480	
	tttagaaatg	gttacettca	ggacagtgc	gctgcattta	tcagagcact	attgctaagt	540	
	tttctttct	ggcttgttt	tttctggac	agtttagaat	tggggggct	attctcatag	600	
	aacaccaaaa	atgatgttca	gtgattcatt	taacatacac	caatgtactc	tggctgctgg	660	
	ggggacaacc	ataagcaaga	catgcccagg	gtttgcgtg	gctccagatc	tactccctgt	720	
	40	aggagttcaa	ggatcacaca	aacggtagta	accagggttg	tacaccctgg	780	
	caaggcttct	cttcagactg	aagcagcaat	tctgccacta	ccagcagcaa	ccaggacgtc	840	
	tgttctttgt	ggggccaga	tcagaagaga	gaggcccctg	tgacgcccgg	gctgcttgg	900	
	cacaactctg	tccaattcaa	ggatgtttat	cggcctctct	tagatcctga	gtgagacaaa	960	
	50	tacagaaaatg	accattttcc	tgcccccagg	aaactcaag	agactgacac	1020	
	agaaaaatga	acttaatcaa	gagagactgt	gatatgtct	aaagaagggt	tgagggagg	1080	
	agagatgaat	tttccctgg	gggatccctag	aaagcattgt	catattgcca	tctccattag	1140	
	ctcaactttta	aacaacttagg	gtgctggaa	aaccctttgtc	tgagggtagt	tcatagctgg	1200	
	aaatacttgg	aatattttcc	agatctcta	aactctcatac	ttccccacaca	gatacacatc	1260	
	55	caagctcaca	aataggagta	gcaatttctg	gtggtaggt	tgttacgga	acccttgg	1320
	gtctcgat	atctcagaat	taccccagg	ccattgtccc	aaagtctaga	gtctttacag	1380	
	gtaggccaaa	tttgcattca	atgcctgtc	ctcagctgt	gtcacaaata	cccatcttag	1440	
	gateccatca	gttcccccattc	ccccaccaga	cagccacagt	accctcactt	tctccctatt	1500	
	60	gttctttcaa	atccctgtct	cagggaaagaa	actgcccacta	actaagggt	1560	
	aaatgattga	taataggat	gagttacctc	ttcccacaga	catttgttt	taagtatgac	1620	
	agagcagggc	cttaatccca	aggaaaagg	ttatggact	ggaggggggt	agctttctgg	1680	
	gtagaaggag	acttcctgaa	tttccttaaa	acccagtaag	agtaagac	gttgggggg	1740	
	aaggctctgct	ccaccatcta	agagcactgt	ttttttttt	gttgggtt	ttgttacgg	1800	
	ctctgaggga	atatagtaaa	aatgcatatg	cacgtgcaat	ttgcacggca	gcatttcacc	1860	

DE 198 18 620 A 1

gattgtggac	tgttattggct	aatgtgtttc	ctgggtc <del>tta</del>	gatgc <del>aa</del> acc	atta	ataaca	1920	
ctatcttatac	tcatagtttt	ttcaggggtg	cttcttgatt	agt <del>tt</del> ggg <del>at</del>	ttt	tgacacc	1980	
tctttaata	cagctagaaa	ataaaaccaa	tttgtaaagc	cacatttgc	tatgt	gccca	2040	
gcctcacgca	tttgatatac	tccagaaatt	caggtatgcc	tcaccaattt	gcccgt	ttt	2100	
aataaaatct	tgtgttaaaa	tttgcacac	gtcgcc <del>t</del> cc	tatgtatgac	gaaaca	agaa	2160	
acagagattt	ccaattgctc	ttttgtcttc	agacat <del>tt</del> tag	taatataaa	ag	tacccat	ttt	2220
tatgctgaaa	tgtttataca	ggtttattaa	tagcaagtgc	aactaactgg	cggcat	gcct	2280	
tgcaacacat	tttgatata	tagccatgt	tcgggtaaa	ggcaagcccc	aaact	cctta	2340	
tcttttgcag	tctctctggg	atcagtaaaa	gaaaaaaaaa	ataatgtgc	taaga	agtgg	2400	
gactgttaat	atgtatattt	aactttgtat	agccccatgta	c <del>t</del> accc <del>t</del> gt	atagaaaa	at	2460	
aattttaaaa	at <del>t</del> tgaaatgg	aagggggtaa	aggaggtcat	gaagttttt	tgcatttta	2520		
tttaaatgaa	ggaattccaa	ataactcacc	tacagat <del>tt</del> tt	tagcacaaaa	atagccat	tg	2580	
taaagtgtta	aaatttacga	taagtattct	attggggagg	aaaggtact	ctgatctcag	2640		
ttacagttt	ttttccctt	ttat <del>t</del> cat	tat <del>t</del> ttgggt	tttgg <del>t</del> ttt	tgcagtc	ccta	2700	
tttatctgca	gtcg <del>t</del> attaa	gtcctattgc	tagaaataggt	tactacaaaa	aagg <del>t</del> at	at	2760	
tctgaaagaa	aaataactga	cattatata	aaccaattaa	tttaaagtat	tgccat	ttaa	2820	
attacacact	gagagcatgt	cctatgcaga	catagat <del>tt</del> tt	tctgtt <del>c</del> att	tat	tttctt	2880	
cattgcagt	gattgattt	ataaaatagat	gtgttga <del>at</del> t	actacat <del>tt</del> tg	ctgtacat	at	2940	
tat <del>t</del> taataa	acttattca	gaattgcgt	gaaaaaaaaa		2980			

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 73:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 227 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NFIN

(vi) HERKUNFT-

## **(A) ORGANISMUS: MENSCH (C) ORGAN:**

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 73

cagcattgtt ccacggcaca gcataaggat agatcccaag tccacagggt ccattttgca 60  
ggtcataattc tgatcctagg aaatgtcctt ttcccatagt tgctctatgc ctttggggtt120  
tagtctatcc caggggtaac tgtggagaaa tcattggttt gagagtcaag agagcattgg180  
ttttqqaqct ttaatccctt tctqggttcaaataagggtt caacttg 227

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO. 74:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 246 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure

# DE 198 18 620 A 1

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:74

25 ctcgtgcggg tttgggttg gtgaaaactag tccaaaacag ggagtttaac agacagccac 60  
agccaaagag tgtcatgtga ttacaggaa gtagagccca ttttagggaaa ggtagaacta120  
gagagggtt tcaggatagt tccatgtga gcagttgagt catacgcttot gatcttgag180  
gaaggacaca cttcaaaggg gcagtaagga ttttgtaaaa cgtggcatcc ataatttact240  
30 atgggg 246

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 75:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 773 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 75

65 cggaagtgt aaggttcctg cctcttcctcg gcaggcgg aacctctctgc tgggccccgt 60  
ggccgcaaaa gaacttttt tctcccgcgc gaacggctgc cggggccaaac tgcctcgccc120  
gcctggcagc ctaaccctcc ttcttttctt ctcctctccg gtttgcgcgc gcccctgcctc180

# DE 198 18 620 A 1

cctctcgccc ggcggcatcc gtttgctgtt gcccacgcctt cctcatcttc tgcccccca240  
 accggcctgc cccgctgcag tggatgtgcga caaggagtcc atgtggggccca taaaaaacgg300  
 agacttggat gaggtgaaag actatgtggc caagggagaa gatgtcaacc ggacactaga360  
 aggtgaaagg aaacctcttc attatgcagc agattgtggg cagcttgaaa ttctggaaatt420  
 tctgctgtc aaaggagcag atattaatgc tccagataaa catcatatta ctcccttct480  
 gtctgctgtc tatgagggtc atgtttctgt tggtaattt cttctgtcaa aggggtgtga540  
 taagactgtg aaaggcccag atggactgac cgccttgaa gccactgaca accaggcaat600  
 caaagctttt ctccagtat gatggatgg actgataact ccggagaat gactctctg660  
 tggcctcaca ctgctgcctg tctgtctgtc actctctata tggcagcttc tttagctaaa720  
 tactttaaga ggggtgaggg gagagagaaa ttccataacaa atccgactac cag 773

5

10

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 76:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 293 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 76

gcaacggcca gctgggtcag ccattcttct gtttagcagat ctttgacttt gcccctgaaca 60  
 atgttgggtt caatcaactgl gtttatattt ccaaacttca ttcaggaata catacggcaal20  
 actgtctcta attttcccta cagagatgtat gtcatgtcag tgaatctacc tgtttgggcc180  
 ttattattct tctgtttattt agcatataatc ttgactttta agggtaatt gatagctgtg240  
 tttggactac taaccgtaca atcaatggta gggactccctc ttagtgcgg ggt 293

45

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 77:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

- (A) LÄNGE: 870 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

DE 198 18 620 A 1

5 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

10 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

15 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO:77

gaccggcggt ggctactagg agaaggacgt acggtoctgc tagtagagga atatgtcgag 60  
tttctctagg gcgcggccagc aatggccac ttttgctaga atatggatc tcttagatgg120  
gaaaatgcag ccacctggca aacttgcgtc tatggcatct ataagacttc agggattaca180  
taaacctgtg tccatgcac tgagtactg tggggatcat gttgttataa tgaacacaag240  
acacattgca ttttctggaa acaaataggc aaaaaaagta tactcttcgc atactggcta300  
cccagggtgga tttagacaaag taacagctgc tcagcttccac ctgagggtc cagtggcaat360  
tgtaaaacta gctatttatg qcatgctgcc aaaaaacatt cacagaagaa caatgatgga420  
aagggttgcatttttccag atgagtatat tccagaagat attcttaaga atttagttaga480  
ggagcttcctt caaccacgaa aaatacccaa acgtcttagat gagtacacac aagaagaat540  
agacgccttc ccaagattgt ggactccacc tgaagattat cggctataag agaataagaa600  
ttgcagaaaa taacagtgaa gtgattgaaa ctttcttctg atgagtttct ctaacctaca660  
ggatggagta aaacaactgc tacagttcag caccgtttt atgtggccaa tcactgtgg720  
gaaaggtcag gaaggtgttag tcottcaata ggaaattgtt attaaaatat aattttata780  
aaccatttt atgtaatctg atttgaatgt tatagttgat aataataaaa tcacttactt840  
ggttgactaa aaaaaaaaaa aaagtcgacg 870

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 78:

40 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 237 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

50

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

60

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

65

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 78

DE 198 18 620 A 1

tttgtatcg ctatcccttc cgatcaaca gcgaccccag cccggjtcatc tacaaccygc 60  
ccggaaacaa cgtgaaactg aactgcattt ctatggggat ttccaaagct gacatcacgt180  
gggagtttaac ggataagtgc catctgaagg caggggttca ggctcgctgt tatggaaaca180  
gatttcttca accccaggga tcaatgaccc attcagcatg ccacaaaqaq qgggtggc 237

18

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 79:

10

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 439 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
  - (C) ORGAN:

30

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- #### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 79

gtttgggaag ttgagatttg gagcgaataa gtagggatct ggcaagaggaa tcatctaccc 60  
cagtcat tag gatttcttaa taaaaaagag attgtatttt tgagttgggtt attaagattal20  
ttaaaaatttag ccccttccttt gaaatatgac atcagctttg ctgttctaa tttaaaattal80  
gttgcttcat cagtagcaca cttccagttt ctataccaag ccagtctct cagttttccc240  
cttaggatgg gacaagtctg ttccaggggtt cattctgtaa gggtcagcag ggggttggg300  
agaggattta aggggaaata cagtgggggc aqaatgggtt cgggggttaaa ggttagggac360  
aagggagggaa gggcgaaagg aggggtggaa ggatgggggc ttacctaga tcggggatg420  
ccggggggggc aaqgcaaqg 420

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ-ID NO. 80:

50

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 2483 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

60

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- ### (iii) ANTI-SENSE·NF1N

65

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

**(A) BIBLIOTHEK: cDNA library**

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 80

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 81:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 202 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

# DE 198 18 620 A 1

- (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

5

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

10

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 81

25

aaaaaaagtgg gagcagttga tttagttgatg tggttgaacc tattgagaag gactttcttat 60  
 tctgctacgg actttaggga tgaatttgca ctagacaggt aaaaaactaa ccaggggatt120  
 aaaaaatagt gtttaacttc tggggaaaca aggtgaataa ggaaggaaat gcaggcatgg180  
 aagttatagg gcactacatg ac 202

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 82:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

35

- (A) LÄNGE: 353 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA

45

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

55

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:

55

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 82

60

ggtgtgggg...gggggggtgt tggccaaaaa gacttcggta tctgacaaca gcatcatcta 60  
 cctcagtcat tagggtttct taataaaaaa gaggttgtat ttttgacttg gttattaagg120  
 ttattaaaat tagcccttcc ttgaaatat gacatcagct ttgctgtct aaatttaaaa180

65

# DE 198 18 620 A 1

ttagttgctt catcagtacc acacttccag tttctatacc aagccagtc cctcagttt 240  
cccattagaa tggacatgtg ctgttcagcg tgtcatgtc gtaatgttgc atgcagagag 300  
tttggtcata gtattaaaga gaaaatacag tgaggtcaca atgtctccag agc 353

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 83:

### 10 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1039 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### 35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 83

cggggataac caaacacacgc tggttacggc ttctccctta acccatgctt tcataaacc 60  
cttcggacag cttccccgtc caggcttctt aaccacaccc accccagggg tgccgcattc 120  
ctgcactcag aagtctcagc cggtccctca aaaaacttga ttgtgccata aaaatcactg 180  
ggatcttgt taatacagct tctaactcaa tagatctggg agatctgca tttctaaca 240  
gctcccaggta aaggccggagg ctgctgggt gaggaccatg ctgtgagcag cagggcgaga 300  
gtgcccagggt ctgatataata ttggaaatat cacccctgaa gccatcgctg gcccccacct 360  
cctgtggact gatgccccag ggatccccac cccacttctg caaccccaagg tateccttcat 420  
tatccacccc atccccagact cccaccccaag ggattgccccg tgaagacttt ggcctagcaa 480  
atgttgtgg ttatgtgagt gttgttttaa tcagagatgt acatgattgc caatctgcat 540  
ttcttaccag tgtgaccaca ctgtacatg gcaattcttag ccaaaaaaaaaa actttttctt 600  
agtcttatgg aaagcaataata tacaatgatt ttcaatggc ttcttggata gaaacagttgg 660  
tttqaagacc ccactgcccac cttagggac tggcccccgg gagtctgaat ccccgccctc 720  
tgcacactga gacccaaccc ctatctggc caactccagt gaattcaccat ttttttcttc 780  
ttcagaaggc ctttcctgtg tgagaccac atattttaac cttttgctcc tatcccattt 840  
ttaaaagaatt agagaataaa ccaggccctgt ttcttttccc ctgaaatccc tgcctctggc 900  
ttcctaaacc catcatctaa ggtgacagag cagtgtctgg aataggcatc ttcccttcaa 960  
cttcccaaa actggccaca gataggctgg ccatggaaag ggtctttgga tttcggggaa 1020  
55 ggcaaacgtg ggggattgt 1039

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 84:

### 60 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 270 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 84

20

gaacagttgg aagcttctta tctctttta gggcttaac aaagaatttt gttttat 60  
tagaccgagg tctataactt gttctgtac aggcaagata gtaaatagat aagactttgc120  
aggccagacc atctctgctg tgatgactcc actctacctt tgtaaaagaa aagcagccat180  
agacaatatg taaacaaatg agcaaggctg tgtgccata aaactattaa agggcactga240  
aattttcagt tcataataatg tttcaggga 270

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 85:

30

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 330 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

40

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

45

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 85

55

agtgtattca gcaaatgagg gtcagaactt tcaagtattt gatggattt cagccgcaga 60  
tgagagttta tgcgtcagcc acttcaattt ctgtaaacag aggcacaggc caaggactgt120  
aaggggcaga actagttttt cttaaaaattt gcctaggcat aataaggaaa atagcacttt180  
tatttcaagg aaaccgtatgg aatgttcaaa tgaggaagg tttaatcaag ggcagtcggaa240  
tggatcaatg ggttaaatttt aggtggcgta aaggaggggc ttatattcac tcaaaccgg300  
atgttatttg gtcgggcca ggttggaaagg 330

60

65

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 86.

5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 235 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

15 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

20 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 86

40 attaaagtat ttttagttt taaaaatgtc ttccggatga gggaaaggagc cccagccaga 60  
aagcaattca atcatgtca agtttccaac tgagtcatct tgtgagtggg taatcaggaal20  
aaatgaggat ccaaaagaca aaaatcaaag acagatgggg tcttgactg gatctttatc180  
atccattcta aatccgattt aatattgcgg gtttacaaaa tgccaagggg gtgac 235

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 87:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 189 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

60 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

65 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 87

DE 198 18 620 A 1

gggaggcctt gtgttgggaa gtttggtat ttgggattct aattgttaac cccagaagaa 60  
ggtaatttag ctgttattta attaaaaacc cttaggccgt tacttatatac tggtagaatt120  
ccagtgtatca gcctaataag gtatatttca gaataatttt ttttccttc agaataactt180  
agaatcaqa

189

1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 88:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 866 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

10

- (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

25

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

30

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- #### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 88

```

caggaccacgc ctggccaaca tggcaaaacc ctgtctctac taaaaagtaa aaaaaattag 60
ccgggcatgg tggcttgtgc ttgtagtccc acttcagtct aagttagctgg gactacaggc120
acgtccaca agccagcta atgtgggtgt ttgttagag atgaggtagg gccatattgc180
ccaggctgt cttgaacacc ggggctcaag gaatctgccc atcttcgcct cccaaagttc240
tgagatagca ggtgtgagtc atcatgccca gcctccctga agttactaa caattggat300
aactgagggg agagaagtga caattccact cagttctatta gaggtctggg tataaggtag360
ccacacaata actctaaactt gacttctaaac catttctatct tatttattttt gaggctgtct420
tctgccccat tttttgtggc tttagatgtt attttcaac ctttctttca ctacctttct480
tacccttaat gtgccaagct tgaaaacaggg tttgatttcc ttagtactt gttcgcccttc540
tgtgcgtcac caagtaatct gggtcatctt tcgttotcatt catgttattt tcaagtggaaa600
caagacattt tgggggtcaa gtctctttgg gtgttttgg tttatgtata taaaaatggaa660
ttttgttttc ccttccatg taagtaccaa cttatatggaa aactcacaat cataatgttaa720
agaagaaaatg aaagcctggt gtattgtact tcaagatgcc tcctgtatgt atagaatctc780
cttggaaaat aaataattgc attgtatatc agtctccca tcaatattaa ttatataata840
ttttagaatt tttaaatacc aactat

```

866

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 89:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 224 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln

65

DE 198 18 620 A 1

(D) TOPOLOGIE: linear

5 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

10 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

20 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 89

25 agcagttgga agcttcttat gtcttgggag ggtcttaaca aaggattttg tgtgatgtt 60  
agacccaggct ctataacttg ttctgtgaca ggcaaggtag taaatagata agactttgcac120  
ggccagacca tctctgtgt gatgactccg ctctagcttg gtaaaaagaaa agcagccata180  
gacaatatgt aaacaatga gcaaggctgt gtgccataa cact 224

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 90:

35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 846 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 90

60 ctccttgtcc aacggaaaaa acatggagg gtttaaggcta aacaaccctc aaacggaaact 60  
ttatgccaga aaacaactac ggaataaaaa ccccacaaaa tacagagagg aacgtttta120  
accttttaggg cctgcgtctt ctgccttgg cccatcaggg tcaaagagta ggagtgagga180  
aggaaggat gggacagcat cccctggac gttcaagtac catccctggt ctccactctc240  
65 cagccttaga gagtggacca gccagagcac ctcgtctgga ctctcagacc tgctgcttg300

# DE 198 18 620 A 1

tctctaccaa cttggcagg gatctaggat ccattttagt qgatcaggtt ccagtcaata360  
 ccattggggc tcaaataagt tcttagaacc acagagtcta gggccagggt cccaaactcat420  
 aggtgacgga gttcccttc aagctcgta cgaattcggc acgagcgggc aegagcttgta480  
 agggactcc gtcagctatg agttggacc ctggccctag actctgttgt tctaagaact540  
 tattttaggcc ccaatggat tgactggac ctgatcccac taaatggatc ttagatccct600  
 gccaagggtt gtagagacaa agcagcaggt ctgagagtcc agacgaggtg ctctggctgg660  
 tccactctct aaggctggg aaggggagacc aggatggta ttgaacgtcc cagggatgtct720  
 gtccccatccc ttccctccctc actccctactc ttgaccctg atggccaaag ccagagacgc780  
 aggccctaaa ggtaaaaacg tcctctctgt attctctggc ttttactccc tagtgtctct840  
 gcataa 846

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 91:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 223 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 91

ctcaaaggaa aagttaacaa agaaaaagga tgcgtagaca acaattccat ttaggtgatg 60  
 ttaattgaag tacctgcagt gatacataac agataaatgg gtgccagggt ccagggacag120  
 gggagggat gggtgtggcc agaaagggtt aacacaaagg agtcttgta taatggaaatt180  
 gttctggato ttggttgtgg tggtagttt gcaaggctac atg 223

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 92:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 92

cggaaagcgctc ggactaccgt tggtttccgc aacttcctgg attatcctcg ccaaggactt 60  
tgcaatatat ttttccgcct tttcttggaa gatttcgtcg ctccccgaag gtcttggacg 120  
agcgctctag ctctgtggga aggttttggg ctctctggct cggattttgc aatttctccc 180  
tggggactgc cgtggagccg catccactgt ggattataat tgcaacatga cgcttggaga 240  
gctcgtggcg tgcgacaaacg cggcgcagaa gatgcagacg gtgaccgcgg cggtggagga 300  
gcttttgggt gccgctcagc gccaggatcg cctcacagtg ggggtgtacg agtcggccaa 360  
gttcatgtaat gtggaccagg acagcgtggt cctctgcctc ttggccattt acgaggaggaa 420  
ggaggatgac atcgccttcgaa aatccactt cacgctcatac cagtccttct gctgtgacaa 480  
cgacatcaac atcgtgcggg tgcgggcat gcagcgcctg ggcgcagctcc tgggagagcc 540  
ggccgagacc cagggcacca cggaggccccg agacctgcatttgtctccttgc tcacgaaccc 600  
taacacggac gccttggaaaga gccacggctt ggtggaggtg gccagctact gcgaagaaaag 660  
ccggggcaac aaccagtggg tcccttcatat ctctcttcag gaacgcttag gcccctccca 720  
gcagcagaat ctgtttagtt gtgcgcacaa aaaaaaaaata caataaaatat ttgaaccccc 780  
tcccccccaag cacaaccccccccaac ccaacccacg aggaccatcg ggggcagagt 840  
cgttggagac tgaagaggaa gaggaggagg agaaggggag tgagcggccg caccaggc 900  
agagatccag gagctggcgccgcgatca gatggagaag gggggaccca gcccagcagg 960  
agacaggacc cccgaagctg aggcccttggg atggagcaga agccggagtg gccccggcacg 1020  
ctggccgcctt ccccatcagc gaggttccag actgtccact cgggggttggaa gtgagactgaa 1080  
ctgcaagccc cacccttcctt gagactggag ctggcgtctg catacgagag acttgggttgaa 1140  
acttggttgg tccttgcgtc caccctcgac aagaccacac tttgggactt gggagctggg 1200  
gctgaagtttgc ctctgttaccc atgaactccc agtttgcgaa ttatagagac aatctat 1260  
gttacttgca ctgttatttgc accactgaa gagcggatgt ggaagcatag atatctat 1320  
tttattttctt actatgaggg ctttgcataa aatttctaaa gcctctgaaa aaaa 1374

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 93:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 761 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

# DE 198 18 620 A 1

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 93

gcctgatggg ctggagccag actgtggct gaggaggaga cacagccta taagctgagg 60  
gagtggagag gcccggggcc aggaagcag agacagacaa agcgttagga gaagaagaga 120  
gycagggaaag acaaggccagg caegatggcc accttccccac cagcaaccag cgccccccag 180  
cagcccccaag gcccggagga cgaggactc acgcctggat aatctgacct ctatagctg 240  
gcccattccct acctcgagg tggggccgg aaaggtcgca ccaagagaga agctgctgcc 300  
aacacccaacc gcccagccc tggggggcac gagggaaaac tggtgaccaa gctgcagaat 360  
tcagagagga agaagcgagg ggacccggc tgagacagag ctggagatga ggccagaca 420  
tggacactac acccagcaat agagacggga ctgcggagga aggaggaccc aggcacaggat 480  
ccaggccggc ttgcacacc ccccacccct aggacttatt cccctgact gagtctctga 540  
ggggctacca gaaaaagcgc tcacaacccta gcaaaagtgc aagatggga gtgagaggt 600  
ggaatggag ggcagagcca ggaagatccc ccagaaaaa aagctacaga agaaactggg 660  
gtccctccag ggtggcagca acaataata gacacgcacg gcagcacaaa aaaaaaaaaa 720  
aaaaaaaaatcc ttgttaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 761

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 94:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1825 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 94

agggzagcta qtagcgacc ggaagtgagg caccctcggt ctcgagacag cggcgacgtt 60  
taaagctgag cgaccctgtg ccactggaga cggtcagctt ctccactcg gctccctccag 120  
cccgagccag aagcccccct ccccccagaat tctggggggcc gatggaaggg agcccgactca 180  
gatcgcgagg tacccagagc cgacagaccc gaggcagacagg gagttggccag aagccccgc 240  
ccttaggatgt atcgaaagc ctcaaccatc cgggtgagga accccggagga cggccctccgg 300  
gcccggcgcc gaccatggct acggccctgg tgggggggtcc cgcagctcta cgcttcggcc 360  
cccgccgttag ctggcagggtt gtgcgcggac gctgcgtgga acatttccg cgactactgg 420  
attttctgcg atctctgcg cgttgtggcc ctggcttgggt tcgctaccgg caccacgaac 480  
gcctttgtat gggcttaaaag gccaagggtgg tggtgaggt gatcctgcag ggccggcctt 540  
ggcccaagt cctgaaagcc ctgaatcacc actttccaga atctggacct atagtgcggg 600  
atcccaaggc tacaaagcag gatctgagga agattttggaa ggcacaggaa actttttacc 660  
agcaggtgaa gcaagctgtca gaggctctg tggatggc ctcgaagctg caggaacttg 720  
65

# DE 198 18 620 A 1

aacaagagta tgggaaaccc tttctggctg ccatggaaaa gctgtttt gaggacttgt 780  
 gtcagctgga gaaagcactg cctacaccgc aggcacagca gcttcaggat gtgctgagtt 840  
 5 ggatgcagcc tggagtctct atcaccttct ctcttgctg gagacaatat ggtgtggaca 900  
 tggggtggtct gettccagag tgctctgtta ctgactcagt gaacctggct gagcccatgg 960  
 aacagaatcc tcctcagcaa caaagactag cactccacaa tccctgcca aaagccaagc1020  
 ctggcacaca tcttcctcag ggaccatctt caaggacgc cccagaacct ctagctggcc1080  
 10 gacacttcaa tctggcccct cttaggcccac gaagaggtaa gtcccaatgg gcctccacta1140  
 ggggaggcca taaggaaagc cccacagtc tgctgttcc ctttaggaat ctggctcac1200  
 caacccaggt catatctaag ctctgagagca aggaagaaca tgcgatatac acagcagacc1260  
 tagccatggg cacaagagca gcttcactg ggaagtctaa gagtccatgc cagaccctgg1320  
 ggggaagggg tctgaaggag aacccagttt acttgctc cacagagca aaggagaatt1380  
 15 gcttggattt ctacatggc cccctgagac tatcattatt acctcttagg gccaggaaagc1440  
 cagtgtgtcc tccgtctctg tgca gtc tca tccatccat agggacttg gtttttagact1500  
 ctgtatgagga agaaaatggc caggggaaag gaaaggaaatc tctggaaaac tatcagaaga1560  
 caaagtttga caccttgata cccactctt gtgaataacct acccccttct ggccacggtg1620  
 20 ccatacctgt ttcttcctgt gactgttagag acagttctag acctttgtga tagaactaaa1680  
 atgctctctg tactcttagtc tctgcctcc tcagctctgc aagtagttt gtaggaatgaa1740  
 agtggaaagtc caggcttggaa ttgcctaact acactgataa aatattttgt aatccttaat1800  
 aattaaactt tggattttttt aaaaa 1825

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 95:

- 25 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
 (A) LÄNGE: 1374 Basenpaare  
 (B) TYP: Nukleinsäure  
 30 (C) STRANG: einzel  
 (D) TOPOLOGIE: linear
- 35 (ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
 hergestellte partielle cDNA
- 40 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN
- 45 (iii) ANTI-SENSE: NEIN
- (vi) HERKUNFT:  
 (A) ORGANISMUS: MENSCH  
 (C) ORGAN:
- 50 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:  
 (A) BIBLIOTHEK: cDNA library
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 95

55 ccgggatttcg ccctccgggg agcgatttgt cctcgggagg ggccgggagg tggacgcccc 60  
 taccggcggt cgtcgggtcg gcagcccttgc gtcagttggc agccggcaagc gcgcgtcggt 120  
 tccgggtggcg ccatgtcggt ctgcagcttc ttcggggggcg aggttttcca gaatcacttt 180  
 gaacctggcg tttacgtgt tgccaagtgt gycatgagc ttttctccag ccgcgtcaag 240  
 tatgcacact cgtctccatg gccggcggttc accgagacca ttacgcggca cagcgtggcc 300  
 aagcgtccgg agcacaatag atctgaagcc ttgaagggtgt cctgtggcaa gtgtggcaat 360  
 ggggtggcc acgagttctt gaacgacggc cccaaagccgg ggcagtccttccg attctgaata 420  
 60 ttcagcagct cgctgaatgt tgccctaaa gcacaaagaaa cttctgcctc ccagggtcac 480  
 tagggggca gccccacaccc accccagac gccaccacac tgaggccaca cgttggccat 540  
 tccaccccttgc agttggaaacc ctggggcggtc agacaggaaag gcaggggcgca gtgggtgaaa 600  
 catcaggaca ctcccaaggc cccggctctg aacaagaccc ttctgtttct tgaaaaagag 660  
 65 actcatttgc tgatggttca tgcctctgc tgggacaggc ctgggtgtc cagccacact 720  
 gtgggtgac ttagccccctt gtcactcta ggtgcctcca ggagggtgagc cctgggtgca 780

DE 198 18 620 A 1

gctggctctc gaatgacgtt acaccctcac ctttttc tggttgc tctggactct 840  
 cccctgttag gcccaattcc aagacagact ctcgtcctca ccgaagctta ggcccacatc 900  
 tcccaggctg ctaggagac agaatggaaa cggaggccgc ccctgcccagc cgccctggcc 960  
 ctggtcactg catgatccgc tctggtaaa cccttcagg ccagccagag tggggatggt1020  
 ctgtgacctg ctggaaaggc aggctgatgg ggcacaccct tggctctcg tccacgaggg1080  
 gagaaaccta aaccctgttt cacaatctgt gccaaggtag cttgcctcac ttctgcttag1140  
 gaaagcgct gttgcctcat aactctaacc agcacaggc tgaggcctgc agtgcacacc1200  
 tgcagggagg ccctcccaa ggttggtga ctgtgccta ctgtacatgc tcggaggcct1260  
 ggccatatag gagggtgggt gatgctgaaa tcaccccca tcttaagtaa ttacttctg1320  
 gagtaatca gttggaaatcc atagacaaat gaaacattca gatgtaaaaaaa aaaa 1374

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 96:

15

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1234 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 96

cttgggaagc ttctggatct ttgtcaacct gactgtgcga ttctgtatct tggggaaaaga 60  
 gtccttttat gacacattcc atactgtggc tgacatgatg tatttctgcc agatgctggc 120  
 agtttgtggaa actatcaatg cagaattgg agtcactacg tcacccgtgc tgccttctct 180  
 gatccagctt cttggaaagaa attttttt gtttattatc tttggcacca tggaaagaaat 240  
 gcagaacaaa gctgtggtt tctttgtgtt tttttgtgg agtgcatttg aaattttcag 300  
 gtactctttc tacatgtga cgtgcattga catggattgg aagggtgcata catggcttcg 360  
 ttacactctg tggattccct tataatccact gggatgttg gccgaagctg tctcagtgt 420  
 tcagtcattt ccaatattca atgagacgg acgattcagt ttcacattgc catatccagt 480  
 gaaaatcaaa gtttagatttt ctttttttct tcagattttt cttataatga tattttttagg 540  
 tttatacata aattttcgta acctttataa acagegcaga cggcgctatg gacaaaaaaaaa 600  
 gaaaaagatc cactaaaaag aaagatttt atggcttctt gccagtttga gcctaattctg 660  
 attcttacag ttttacccctc ttgaaccaat gtaaaaagttt ttttaatgtt aatgattaa 720  
 attctcagtg aggctatctt cctttcccc agtaacattc ctgaatttac ttttatctta 780  
 ttgttagtact tgcacatgc ggtttcttgc tatctgtatg gagggttattt cttgtgtatt 840  
 cagttaatga caccaaaaagg ctcaagccac cccaaaccctt tctcatgttc agtctgtcta 900  
 atacatgcca gagattttttt tttcaaaaag tgctttatcc ctacaatgtt ctgacagtcc 960  
 ttacatgttgc gattttttct tttcagctat tgcttgcataaaaaagcaag actatgtcac1020  
 tctatagaag gctgttaaaag tgactcaggc aggaattaat tatttgcata tttttttttt 1080  
 acttggatggca ttgactttttt gaaaatcaag tggactgatg ctttgataaaall140  
 acatttctaa gagtggggct agagaacata ctttacatgc gacatccctt ggcctaacaal200  
 catctattat tataatgttgc agcaatgttgc gcatgttgc ggcgcagaat gctttgaaag1260  
 aaactaatca gaatcttgcg acatcatgtt catgcccattt ttaagtaat caactat1320

45

50

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

caacactgaa gaaaaatgaa acattattta gaaaataatg agtttacaaag ttccaaactc1380  
5 agccaggaat gtggctcaca cctgtaatcc cagcaacttg ggacacctag gtgggagcat1440  
cgcttgaagc caggagtca agaccagctt gggcaacgta gtggagaccc ctatctctac1500  
aaaaaataaa aaaatttagct gggtgtatg gcacacacct gttgtccca gctactcaag1560  
aagctgagat gggaggatcc ttagctcagg aggtcaaggc tgcaagtgc cgagatttg1620  
10 ccactgcact gcagcctggg gtgacagtgc aagaccctgt ctcaaaccac accaaaccac1680  
acacacacaa acacacatac acacacacac acacgaggtc caaatggtag cagggatcca1740  
aaggaaacac agtatgttagg tcaaactggc agtaacagt tacagcctt gacaaactag1800  
aaatattaga gtggccaaa cacacctcca aactgttaagg ctgtgcacaa acataaaaaa1860  
15 tggcagcctt ccattctctg cactggctga gtccattac ttgtgtactt gttctagtg1920  
gtgggtggac tgtacatccc tgaatagacc tcaaaaatac ttcatctgc tgctgttcag1980  
ttggctttt aaacctgtct gcagtaggac actgaaaaca gcaagaactt cggggtaac2040  
20 acccgctgtat ccttaacaa ggatttctgg caggaaactc acaaaaagga gaactgaaaa2100  
tttagacata cagtggcca ttgtaaaaaaaa catcagttc ctctcataca ttccaagtaa2160  
accaagtaaa ataagtgtt gagaacact tgcataaaag aattaagga gtgatagctc2220  
tttctgttct gccattccca acattcctgg gggaaaggag actcaatgag ttaatactat2280  
ttcaactgagc ccaagatgg aacttgggtt gacctaaaac atctgattaa tataggctag2340  
ctgatttctt aaaaattcgt tgcattgaag gatatttgc atgtctgtaa cacctgtcaa2400  
tacttggttt tattgatttc tgatattttt gcagctgact acgttaattt gggcagatca2460  
gtttingcagt agattatgtt gcattctgtt ggcaaaattt tatttctta gtgattgtt2520  
caaaccctt tattgctgtc tgagaaagtg aagatttgc tatttcttattt aaaaacattta2580  
25 caatcaaaaa aaaaagaaag aatagaagaa aaagg 2615

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 97:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 508 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 97

gttggcagaa acccgaggattc cggttccgggt gggcctccat cagcaagctc cagtgtacg 60  
tgccttgcg attttaggtg tcgggtgggt aggcaacttcat ggatcaggta atgcagtttg120  
ttgagccaag tcggcaggat ttgtttttt gtaaaggact ccattcggtt ggtttaaaaga tgcactaaac180  
ctgatagaaa agaattccag aagattgcca tggcaacagc aataggattt gctataatgg240  
gattcatgg cttctttgtt aaattgtatcc atattcttat taataacatc attgttggtg300  
gctgaataca ttttggaaaga gagttttca tcttagat tggtaacaa gtgtgagggt360  
gtgagaaact cacagaatac aaatttgcct gtatgtttt tgggtttttt ttttccttt420  
65 caagatgttt tctatttcta aataaaagta atttcaaagt aaaaaaaaaa aaaaagtcga480  
cgccggcgcg aatttagtag tagtaggc 508

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 98:

- #### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK-

15

- (A) LÄNGE: 3588 Basenpaare
  - (B) TYP: Nukleinsäure
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

10

- (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE: NEIN

- (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (MII) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 98

30

tcccgtctca	aaaaaaaaaa	aaaaaaaaaaag	aaaagggaaag	ggaatcccat	tttgtatga	60
tttggcaca	ctacttgagc	tgaggctagc	agtacatga	tttggctgt	ctctgacctg	120
aagctttga	agtaaggta	tgtctctcc	ctgaagctt	tttatagtg	gtatgggt	180
gagtttggc	tttgagctt	tcttagaaaa	taagactgtc	cacctggga	ggggagctta	240
tagggaecc	gtttaactc	agaatgtga	agaaagtgc	tttagccaa	aaaagtaaga	300
ttaatata	gaagttggaa	agaagtatt	gcttctgtt	ctccagca	cagttgactc	360
tacgtttcc	ttgtttata	tccccagg	ttaactaa	aacttattt	acttcctatc	420
aggaagcaca	caaaaaaagc	gtcatttaaa	accctggata	taggtttaa	aggatcacaa	480
aacagcagc	ttgtcgcccc	gccagggtca	tcaccattt	gatgtgtc	ccatcttcc	540
accctccctt	tcctgcccc	aaggctcca	gccaggccag	atgtgaagat	tcttataatc	600
actgtttcag	agaacattaa	ttcttgatata	gaataattat	ctactaaatt	gcttattatc	660
tgtgactacc	ttgcagagaa	catctcaaca	gtcagtaaa	atagctctcc	tagacttgag	720
cttccagcca	ggcatttaga	tcactcttaa	gccttgtgg	aattctgagg	aaaaaaagca	780
agatgcctca	atgccaatgc	tgcccataa	gattctactc	ccctccctgt	agggtgggc	840
gcgtqgctca	gcttggaaa	atcattttgc	cagtaatatt	gcctgtgaat	ccctttaaga	900
agtcgtctg	atctgagct	gtctttctga	gcacttgg	gctgaattga	aatgttaag	960
ctaaaggcagt	gacagatcca	cgtagccct	ttaacctctt	tattatcttg	ccaaaaaaaaa	1020
agtttctcag	gtttaaacctt	tgtctttaa	ctcccttgt	tgtggagaaa	atgtgtcact	1080
aatcagttgt	ccagggnata	tctagcttt	gttactcagt	tcctgcagca	taacagatat	1140
gactttatgc	agggaaaggta	gaggctgatt	atggagacac	ccaggaacag	gaataagaag	1200
ggtaggtct	gtccacgt	gaaccctccc	agatccgaag	ttaagtcttg	gagagttcc	1260
aaagtgcgt	agtaaaaaagg	agacttggag	ggccttgc	taatgagcaa	gaggcttg	1320
tcctcccaag	aacatgaggg	atgtcagaag	ggagctatag	ctcacagaca	gaaacctgcc	1380
cgctcacccc	atccctcg	actggagac	tgtttgtca	gaattttct	agaggactct	1440
cccttcaaaa	atccaattt	ctcccaagaat	gttgggtt	ctctgagaat	ctcaactctt	1500
catttccatc	tgtgaatgg	catagatgt	ttgctcagg	atcagaaaaac	tcagagtcc	1560
ggccccagtg	gcatgggtt	gcatttagt	ttagaaaaagt	aattggtca	ctctactgt	1620
aaagaaataa	gtatgttagt	cagttttgt	aatgtcagg	ctgttctgtt	gttttgtat	1680
ctgaagactg	tcaaactgg	tgataatcaa	agaaaagg	ggtgggtt	ataagtaaaa	1740
tttcagttag	aaagatata	cttaccagg	ttccatgtc	ttaaggaagt	caagaatatt	1800
tcaggttgtt	gagaactgtt	gtaaaatgga	attgaagct	gtgtctctca	ccttcttagg	1860
tgtatcagag	agagaagtg	gaaggccagt	agtagccat	toatacttac	tttgcacq	1920

# DE 198 18 620 A 1

ccagcctcca tttcaaagac tttgtctcc atcstatcca atgacatgtt cagggatggg1990  
ctctgaggag gcagtggagc cccaccttg tttgtccac tgggtgtgt agtctccaaa2040  
cagctaagg gtttttaagt ttctcacga ttacctccac tccactcatc tactatcagc2100  
atcagaaagg ttaacatccc tggaccatt ctacttataa aagagatgaa ctatgtgtt2160  
ttctccctt ttccaggtgt gcatccata tacaatctcc tcttggccaa gttcaacaaa2220  
tgtttccagg gaaccccgta ggttggaggca aagtgcac gatgtattga gttaaagttt2280  
tctagaggac aaaagtattt cttgtccctt ttccctcatg ctcatatgtt ttagctgagg2340  
cgtaaatggc caagttagt aatatctgtg gaactggagc agagagccag ggaccatgt2400  
acccaggagc cagtccctg gggaaatcaca cagtggctca gactagactg ctctatccca2460  
ccagaactct gctgctgtt attccatca ggaccaccca ggaagcaaa taagttagcc2520  
ttctcatcat tagtgcacct aatctctgg gttgcaggat gagagcatat atagatctcc2580  
tgtttagaga gtgtgtcat aattgttagaa agggatgaa aatgaataa ccaagaggtt2640  
gtgtcatttt ttaagaggat ggcaaggatg acctcaaatg agctcaacaa aactggaaat2700  
ccaagaaatg gtgttgttag gggaaagagag gtcgttgtg gtccttaaac ctcttggcac2760  
cttgtcggg ttataaaaaca aggagctggta gtaaaatgc ctttacccc aatccaaatg2820  
ctgtccagga tttaggagct accaaacccgt tggttatatg gtgtgggtt ccattttttg2880  
tttggggct tggggccaa atagcctgc ttggactgc atggaaatgt caagctttc2940  
ttcttgcggc ctcagggtgt gcctctcccc cgtgtctca cagcgtccct aaggaagatt3000  
tttgcagcac tctctggagc tgagggggagt gaaattttgtt ccagagaagg cggaaggaaa3060  
tagttttctt gtttccctt ctgggggtgg atgtccctcag gcttccctca cacctccctc3120  
tcatgggtgc ggctggcagt acagtccggc tggtggaggag ggctggagaag aaaggggcac3180  
tggtccagcc ccagggttgg tctggacacag gtacacacca gataccatcc cacctccctc3240  
tctaaagaac aggccagcca cacatataac cttttcccta ctttactaat gtatccctta3300  
tggtgtacca gcaatggagg acaggcagac ttacccctgt ccatctagag agaatgtgt3360  
tattaccctgt aaaacttgac cacccttccata tcccactcct tttttaaaaa acaaattgtt3420  
aaacctgtga gcctgcctgtt ctttctatg tgtaatctag tttcccttcca tttgagctgt3480  
gtggggagggaa agggcattga aattgttagt tgtaatcttgc tgccaaaccaa taaaaccag3540  
tattttcacac aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa 3588

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 99:

### 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1218 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

45 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 55 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

55 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 99

tggggcgtt taaataacaa atctgtctaa gttaggcaac aggccgtgtt cttgtatcttct 60  
cgaactgtt ttgtcatgaa gactgtcaa gaggaaaaat tgatgggaca cttgggtgtt 120  
gtattgtatg agtattttgg tgaaggtac cctgttgtat tgggcacat tcttggagca 180  
ctgaaggcca ttgttaatgt cataggtatg cataagatgtt ctccaccaat taaagatctg 240

DE 198 18 620 A 1

ctgccttagac tcaccccccattttaaagaac agacatgaaa aagtcacaaga gaattgtatt 300  
 gatcttggtg gtctgtttgc tgacagggggatgttatatatc tatstgcacg agagtggatg 360  
 aggatttgct tttagctttt agagcttta aaagccccaca aaaaggctat tcgttagagcc 420  
 acagtcaaca catttggta tattgcaaaag gccattggcc ctcatgtat attggctaca 480  
 cttctgaaca acctcaaagt tcaagaaaagg cagaacagag ttgttaccac tgttagcaata 540  
 gctatttttg cagaaaacatg ttccaccctt acagtactcc ctgccttaat gaatgaatac 600  
 agagttcctg aactgaatgt tcaaaatgga gtgttaaaat cgctttccctt ctgtttgaa 660  
 tatattggtg aaatggaaaa agactacatt tatgccttaa caccgttact tgaagatgt 720  
 ttaatggata gagacccctgt acacagacag acggctagtg cagtggtaca gcacatgtca 780  
 cttggggttt atggattttgg ttgtgaagat tcgctgaatc acttggtaaaat ctagtgtatgg 840  
 cccaatgtgt tttagacatc tccctcatgtt attcaggcgat ttatgggagc cctagagggc 900  
 ctgagaggta ctattggacc atgtagaatg ttgcaatatt gtttacaggg tctgtttcac 960  
 ccagccccga aagtccagaga tgtatattgg aaaatttaca actccatcta cattgggttcc 1020  
 caggacgctc tcatacgaca ttacccaaga atctacaacg atgataagaa ccacctaata 1080  
 atccggtaa tgaaccccttgg cctatagctt agtaattttt agtggtttat tttgggttgg 1140  
 aatgccccact gcttcacacc ttaaacttgc ttgtggatgg tgggtgttacc tttaaacatg 1200  
 catgcgtgt gtgacttgg 1218

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 100:

- ### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1303 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

- (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

- (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

- (iii) ANTI-SENSE- NEIN

- (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

- (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 100

gtgctcaaga agtgcccttga gttgggtgtac agtgcctatgg ccagcaagaa tcccagattt 60  
caggttttat tacaaaatgt aagtggtcac ttggcgattt tgttagtacat gcatgagttt 120  
cctttttct ctatgtctga gaactgtcag attaaaacaa gatggcaaag agatcgtag 180  
agtgcacaac aaaatacta tcccatttga cacatcatca aaagcttattt tttattcttg 240  
cactggaaaga atcgtaagtc aactgttttgc tgaccatggc aagtgttctgg ctccaaatgg 300  
tagtgattcc aaataatggt tctgttaaca ctttggcaga aaatggccagg tcagatattt 360  
ttagatacta aggatttatct ttggacatgt actgcagctt cttgtctctg ttttggattt 420  
ctggaaatacc catgggcctt ctcaagagtg ctggacttctt aggacattaa gatgttgc 480  
agtacattaa acttttcaat cccattatgc aatctgtttt gttaatgtaa acttctaaaa 540  
atatggtaa taacattcaa cctgtttattt acaacttaaa aggaacttca gtgaatttgt 600  
ttttattttt taacaagatt tgtgaactga atatcatgaa ccatgttttg ataccctttt 660  
ttcacgttgt gccaaacggaa taggggtttt gatatttctt catatgttta ggagatgtt 720  
caaaatgtca attgttttaa acttaaattttaa cctctcaaga gaccaaggta catttacctc 780  
attgtgtata taatgttttaa tatttgtcag agcatttctcc aggtttgcag ttttattttt 840  
ataaaagtatg ggtattatgt tgctcagttt ctcaaatggt actgttattttt ttatattttt 900

# DE 198 18 620 A 1

accccaaata acatcgctcg tactttctgt tttctgttatt gcatggatgtc eggattctt 960  
aggctttatc agtgtaatct ctgccttta agatatytaa agaaatgtc catataaattt1020  
tccattgaag tcgaatgata ctgagaagcc tggaaaaggagg agaaaaaaac ataaagctgtg1080  
tttccccata agtttttta aattgtatat tggatgttta gtaatattcc aaaagaatgtt1140  
aaataggaaa tagaagagtg atgcttatgt taagtcctaa cactacagta gaagaatggal200  
agcagtgc当地 ataaattaca ttttcccaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaaagt1260  
atacgttgga atgaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaa 1303

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 101:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2333 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 101

tggaaaatgc ggacagtata ttcaaaaaagg ctattccaag ctcaagatata ataaatgtga 60  
actagaaaat gtagcagaat ttggggcctt gacagacttc tcagatacgt tcaagtttga 120  
ccgaggcaag tcggatgaaa atgaagatcc ttctgtgggt ggagagtttta agggtccctt 180  
tcggatctac cctctgcggg atgaccggc cgtggccagcc cttcccgac agtttcggga 240  
attacctgac aegctcccac aggaatgcac ggttaggatt tacatgttgc gaggctttaga 300  
qctccagccc caggacaaca atggcctgtg tgacccttac ataaaaataaa cactggggcaa 360  
aaaagtcatc gaagaccggat atcactacat tcccaacact ctcaacccag tctttggcag 420  
gatgtacgaa ctgagctgt acttaccta agaaaaagac ctgaaaattt ctgtctatga 480  
ttatgacacc tttacccggg atgaaaaagt aggagaaaaca attattgatc tgaaaaaccg 540  
attcccttcc cgctttgggt cccactgcgg cataccagag gagtactgtt tttctggagt 600  
caatacctgg cgagatcaac tgagaccaac acagctgtt caaaaatgtcg ccagattcaa 660  
aggcttccca caaccatcc tttccgaaga tggggatgatc atcagatatg gaggacgaga 720  
ctacagctt gatgaatttg aagccacaaa aatcctgcac cagcacctcg gggccccctga 780  
agagccgctt gcttccaca tcctcaaggac tcaggggctt gtccctgagc acgtggaaac 840  
aaggactttg cacagcacct tcctggccaa cattttcccg ggaaaacttc agatgtgggt 900  
ggatgttttcc cccaaagatgg tggggccacc aggcccttctt ttcacacatca caccgggaa 960  
agccaaagaaa tactacctgc gtgtgatcat ctggAACACC aaggacgtt aacttggacgaa1020  
gaaaagcatc acaggagagg aaatggatgtc catctacgtc aaaggctgga ttccctggcaal080  
tgaagaaaac aaacagaaaaa cagatgttca ttacatgtt ttggatgggt aagggaattt1140  
taactggcga ttgttttcc cggttgcata ccttcccgcc gaacaactct gtatcggtgc1200  
gaaaaaaagag catttctgga gtatttgcata aacggaaattt cgaatcccaac ccaggctgat1260  
catttccatca tgggacatgt acaaggtttcc tctggatgac tacttgggtt tcttggact1320  
tgacttgcgt cacacgatca ttccctgaaa atcaccagag aaatgcagggt tggacatgat1380  
tccggacccctc aaagccatga acccccttaa agccaaagaca gcctccctct ttgagcagaal440

# DE 198 18 620 A 1

gtccatgaaa ggatggtggc catgctacgc agagaaagat ggcgcccgcg taatggctgg 1500  
 gaaaagtggag atgacattgg aaatcctcaa cgagaaggag gcccacgaga gyccagccgg 1560  
 gaagggcgg gacgaaccqa acatgaaccc caajctggac ttaccaaatac gaccagaaac 1620  
 ctccttcctc tggttcacca acccatgcaa gaccatgaag ttcatcgtgt ggcgcgcctt 1680  
 taagtgggtc atcatcggtc tgctgttctc qcttatcctg ctgctttcg tggccgtgt 1740 5  
 cctctactct ttgccgaact atttgtcaat gaagattgt aagccaaatg tgtaacaag 1800  
 gcaaaggctt catttcaga gtcatccagc aatgagagaa tcctgcctc gttagaccaac 1860  
 atccagtgtg attttggtc tgagaccaca cccccagtagc agttacgccc atgtcaccgal 1920  
 gccccattga ttcccagagg gtcttagtcc tggaaagtca gccaacaag caacgttgc 1980  
 atcatgttat ctcttaagta taaaagttt tattttctaa agttttaatac atgtttttca 2040  
 aatatattttt caagggtggct ggttccattt aaaaatcatc tttttatatg tgcgttccgg 2100  
 tctagacttc agcttttggaa aattgtctaa tagaatttcaa aaatctctgc atcctgagggt 2160  
 gatataacttc atatttgtaa tcaactgaaa gagctgtgca ttataaaaatc agttagaata 2220  
 gttagaacaa ttcttattta tgcccacaac cattgtctata ttttgatgg atgtcataaa 2280  
 agtctattta acctctgtta tgaactaaa taaaaatgtt tcacctttaa aac 2333 15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 102:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1377 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 102

cattactgtt atatgagaaa catttttagta atttaataaa aggataatgt ttatTTaaaa 60  
 aacctgactt ttccagagta attttggttt gcacattcat gtttattgaa gtggactaat 120  
 ttctataatg caaatcagag ttaaatatta aaaattgtgt aaatacaatt gacataggaa 180  
 ttacattaaa atatttagaa gaaacaagga caaattttaga ccttgaatcc gaagagataa 240  
 agcttacttg actttcaaat ggagagatga tggaaaccca ctcattcagt ctggcagaac 300  
 aaaaagacag tcatctgata agagatgac atggatgaaa tgccctacag gggccttgg 360  
 catctttaat ttctgcgatt atgtgaaaga ggtggacttt acagataatg gacgagaac 420  
 caacattatg aaaaggaaat ccaacttctt cccatagaat tagaaacatg tggaaagtaca 480  
 ataaacttct tggtaattt accagcatca gagagcttcc catttgcatc tagaccttga 540  
 atttatattt attgatcaag ttcttaattt ttttatattt ttgtgcatac tcaccaataa 600  
 cagttaaaat taatttatgt ttatgttaa tatatgcacc taccttctt cgttagtgca 660  
 tcaatggatg tggatTTTt tcattttcc aaagagatgt ttgttaggtt tccctgttagt 720  
 tcttccttta tagttttct tctgataacc atgacttcag gagtttaaa actatctatc 780  
 ttgcattttgt gtctggcgg aactagccca tcagccctcc gaagcctgccc atcattgtta 840  
 atttgaggac tgggctgtct tgggctcag aaggtaaaga actatttgag cagatgtgt 900  
 tgggtggcac tggattccac ccaactgcca agttagattt gtttagagatt tcattttaca 960 65

# DE 198 18 620 A 1

5 acacaaaaat aaggctgtgt caaagattt aaaatcatgg aaagttaaaa tctagzaaga1020  
ccttagagaa ccagccaacc aactctctca ttttzaaagt gaaggatca tagcacagat1080  
tacctgccta agatcatcca ggaacgaaga caagaatcca aatgtacttg gggacaagaal140  
ttagtccccca aattcagtgt tcttcctagt attaaacatt gccctttcg acaaatttg1200  
gatttcaatc ttggtatatt tcagtaaaccc tgctgattta ttaggttact gggtagatgal260  
cattagaatg tagatagcgt gcacgctatg atagactctg ctaagacatg ttcccagtgt1320  
ccagcagcaa tgtagatatg tgtgacagtg gtcatgtaga agttataaag cagagta 1377

## 10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 103:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 15 (A) LÄNGE: 315 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

25 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 103

45 ataaggaatg agaagaaagg ctgtgtctta tcagtaggtg agatggact ggtcctggta 60  
gtgttggago aggacaggca cttagttctg atgtgtgtt ccttgtat agtagagcac120  
cgggttaac caccactcct ttaggctact ttagtgcaca acagaagtaa aatatttcaa180  
ttatattaatt tagaatgtta tttttactg gaacctgcaa tatgcatgtc cagaattat240  
aattttact cttttggta agttatacta aggcaaagcc agtggattca aaagttagac300  
attgacaggc cattt 315

## 50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 104:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- 55 (A) LÄNGE: 2355 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

65 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

DE 198 18 620 A 1

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 104

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 105:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 1339 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

DE 198 18 620 A 1

- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 105

) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 106:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

(A) LÄNGE: 3751 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

DE 198 18 620 A 1

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

11

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 106

15

gatcgccggc ggcctttgga atctattgcg caaaaagaagt ttcattttgg ttacttagac 60  
ctaagatcac ttattaaaaa tccttatttt ctccaagccc agcaaacgtt gacttctggg 120  
caaaccctgaa aaccctgaaaa tgccacttgc atgcagttt tttgaagttt agtggaatcc 180  
tttcaaatga cgagctgcag agaactcagc accaagggtt gccttatctgt agataagctgt 240  
aaaatggaat atttttaat gaaggcaaat aagtacttaa aagttagctg agcaataaaa 300  
tggtccaata ataggtaat gcaacagaaaa cagaaggaga cctgggttgc ttatgcctt 360  
actcttacat ggaataaaatt cccaatgcattt atcctatgtt aaccataagt gaaggaaat 420  
aacacctgctc atgctccatg ctgtgaggtt tcctttggat attctgtgt gacagagaag 480  
cctattttgt tttttttca gcattttctt ctgtatgtacg ttttaagga tttttaaga 540  
gctgtttca gtgttttaat tagtgctatt tttcttgc tttttttatg aatctcgat 600  
tgtatcttac tatgtccata cagatgttac aaatcgacag tttttttctt agactcatgt 660  
gatccaagct gtatatacca tatataaaaca ttttcatgtt atcattttatgtt ttttttaattc 720  
atttacttaat gctataaaaat tttctatattt accccagtaa ttgtcatgtt ctgggttata 780  
tactaaagca acatgttttgc atgatgttctt tacatccattt tgaggaaat gggtttagaa 840  
aaaatacata attgtaaaaac tgagtttgc ttttttttttgc ttttttttttgc ttttttttttgc 900  
gttattactaa tcatatgtt attaactgtc tactttaaatg caaggttacctt gtttttttttgc 960  
tccacttaat: tttttttatgt tggggaaatag atttcagggtc ttttttttttgc ttttttttttgc 1020  
ttgagaagta aatttgcattt catatacaaaa gcctgttattt tttagggcataa tggaaagcaga 1080  
aatcttqqaat ttgtqcttgc ttgttatgtt gagtttggc ttagacttgc taatgttca 1140  
gaattcaatct ttgtqaaajcc tggaaataattt taggacttgc atttactgtc caaaagtca 1200  
ttgtgcjtgc atttctctac cccgtatgtt atttttttttgc attgttcaac aggaagcaca 1260  
tgatttgagaa catcttggaa cagaccaaaa ccactgacag atggcaaggc tcggcgattc 1320  
tgatttccct tctcaatctt gctcaactcc aaggttgc ttttttttttgc aaaaattttgc 1380  
ctctgttgcattt caagtcttac aatgttttgc ttgttacccctt ttgttgc ttttttttttgc 1440  
gtcttgcattt taggatcttattt atttactgtc ccctgttccatc cccagcaccctt cccggccccgc 1500  
acatttatttgc aaaaactggg aatttatgtt tttagggcactt taatgttactt ttttttttttgc 1560  
gggacgacttgc tcccttctaa agttaaaatgc aatacaagaa aactgttctt ttttttttttgc 1620  
aagttaaaggc tttgttgc aatcatttttgc catttttttttgc acatgttactt acaagttaaa 1680  
taacttgcattt tgagcacctt tagatccctt ccccttccatc ggctttggc cacagaatgtt 1740  
acctttgagg cctgttacattt ggttttttttgc ttccatttttttgc ctgttacttgc 1770  
ttgggttcaattt tgatgttgc cttccaaatgtt accatttttttgc taatgttacttgc 1800  
aatttatttgc atttatttgcattt ctgttacttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 1860  
gcccttattt ccatttgcattt atcatttttttgc caatgttacttgc acatttttttgc 1920  
aacttatttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 1980  
aacttatttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2040  
agtttctgttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2100  
gaacagtttttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2160  
gagatttttttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2220  
ttgttacttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2280  
gagtttttttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2340  
gtttaatatttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2400  
aatttttttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2460  
actcttcaatcttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2520  
caaaatgttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2580  
ttgttacttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2640  
agtttttttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2700  
ttgttacttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2760  
gttttcttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2820  
aggcttttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2880  
tggacaatatttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 2940  
tttttgc ttttttttttgc ttgttacttgc ttttttttttgc 3000

# DE 198 18 620 A 1

5 ggactagttt atcaagattt gttgtcaactt aaatttttg tgattttttt ccaagccagt3060  
ttttttaaat tcttaaatgtg tttttaggtt tgggtacatt aattgtaatg taaactattt3120  
tacaactgtt ttgcgactt tataggcagg taaattttgc tattactatt gaatacaaat3180  
gacaattcat ttatgaccac tcaaacagcg ttagtaacca ttttagtgaca aaggattaaa3240  
acatccatet ggatgttaat ttgttagatg taaatttat tttgtttaaa ttttccagg3300  
catctgaaaaa ccttatctgc tagacaatgt aagattcaca cagagttatc tggattctg3360  
attttttaaa tagtacat cattaaacca ttttctctaa atgttagaag agcagaaaaa3420  
atcttataag attatcatat ttgttctatg acacagaaaat gtaagaaaaa aatccctta3480  
tattgaaaaa agatgcagtc aaagtctttt cagacatgcc caaactttga gaatttcttc3540  
aaccatctaa tgctataaaag attttgttca caaccagttg tataacagaa3600  
atactagcta ctgttttcct tcctgtgtgt gaagtaatga atcattgatt atgtgacttg3660  
ttatgttattc aattaaacac taagaataa aacattcact ctttaatta ataaaaaaaaa3720  
aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa aaaaaaaaaa a 3751

15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 107:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 300 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

30 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

35 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 107

50 cgctcggccc ccggggagag atcgagggtg acttggccaa gagtctggcg gaaaagctgt 60  
atctatgtca gtaccctgtg cgcccgccct cgatgaccta cgatgacatt ccccacctct120  
cagccaagat caagcccaag cagcagaagg tagagctga gatggccatc gacaccctgaa180  
accccaacta ttggccgcagc aaaggggagc agattgcgtt gaacgtggac ggggcctgcg240  
ccgacgagac cagcacgtat tcctcgaagc tgatggacaa gcagaccccttc tgctttccc300

## 55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 108:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1465 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

# DE 198 18 620 A 1

hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

10

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

15

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 108

20

gccaaccttc cttcccccaa ccctggggcc gccccaggt tcctgcgcac tgccctttcc 60  
tcctgggtgt cactggcagc cctgtcttc ctagaggac tggaaacctaa ttctccctgag 120  
gctgagggag ggtggaggt ctcaaggcaa cgctggccc acgacggagt gccaggagca 180  
ctaacatgtac ccttagcttg ctttccctt ccctccctt tatttcaag ttccctttta 240  
tttcccttg cgtaaacaacc ttcttccctt ctgcaccact gcccgttaccc ttacccgccc 300  
cgccacccctcc ttgttacccc actttttaaa ccacagctgt tggcagggtc cccagctcat 360  
gccaaggctca. tctcccttct tgcttagcccc caaagggtctt ccaggcaaca tggggggccc 420  
agtcaagagag cccgcactt ctagtgcctt ctgggttagt tggggggcag ctctggggc 480  
cgtggcttgtt gccatggctc tgctgaccca acaaacagag ctgcagagcc tcaggagaga 540  
ggtagccgg ctgcaggggc caggaggccc ctcccaaat ggggaagggtt atccctggca 600  
gagtcctcccg gaggcagattt ccgtatgcctt ggaaggcctt ggggtgggg agagatcccg 660  
gaaaaggaga gcagtgtca cccaaaaaca gaagaagcag cactctgtcc tgcacctgg 720  
tcccatataac gccaccccttca aggatgactc cgatgtgaca gaggtgtatgt ggcaaccaggc 780  
tcttaggcgtt gggagagcc tacaggccca aggtatgtt gtccgaatcc aggtatgctgg 840  
agtttatctg ctgtatagcc aggttctgtt tcaagacgtg actttcacca tgggtcaggt 900  
ggtagtctcga gaaggccaag gaaggcagga gactctattt ctagtataa gaagtatgcc 960  
ctcccaaccgg gaccgggctt acaacagctg ctatagcgtc ggtgttccatttacaccal020  
agggatattt ctgagtgtca taattccccgg ggcaggccg aaacttaacc tctctccacal080  
tggaaaccttc ctggggttt tgaaactgtt attgtttat aaaaagtggc tcccaagcttg1140  
gaagaccagg gtgggtatcat actggagaca gccaaggatctt ggtatataa aggagagggal200  
atgtgcagga acaggccgtt ctccctgggtt tggctccactt ttccctttt1260  
catccccacc. cccttagactt tgattttacg gatatcttgc ttctgttccc catggagctc1320  
cgaattcttg cgtgtgtta gatgaggggc gggggacggg cggccaggcat tggtcagacc1380  
tggtaggggc ccactgaaac catccagaac agcaccacca totaacggcc gctcgagggal440  
agcacccggc ggtttggc aagtc 1465

30

35

40

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 109:

50

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

55

- (A) LÄNGE: 1488 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

60

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

65

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

10 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 109

20 cgcccgagg agcaggatgg agatccctgt gcctgtgcag ccgttggc tgcgccg 60  
ctcgccccg ttgcccggac tttcgccgc cggacgcctc tttgaccgc gtttcggca 120  
ggggctgtg gaggccgagc tggctgcgt ctgcggccacc acgctcgccc cctactacct 180  
gcccgcaccc agcgtggcgc tgccctggc ccagggtggc acggaccccg gccactttc 240  
ggtgctgtca gacgtgaagc acttctcgcc ggaggaaatt gctgtcaagg tggtgggca 300  
acacgtggag gtgcacgcgc gccacgagga gcccggat gagcacggat tcgtcgccg 360  
cgagtccac cgctcgatcc gcctggccg tggcgtggat ccggctgccc tgacgtccg 420  
gtgttcccc gagggcgtcc tggccatcca ggcgcacca gctggccccc aggccccacc 480  
gccaagtagg agggggctgg gcccgcggcc .caccggggg .gcttcctcag 540  
gtccctcta ttaaaggcga tctgactcc cccagccaga tgcggaggt ggcggcaagg 600  
ctgtctctc acccactct ggattctggc tcgacccca tccggacac tgccttgata 660  
acatagaccc ttccactgac accctcgctc tcagagcccc tccagtttc cgacccaca 720  
ccgacaactc cccggcttcc agaccctacc agcactaccc taacccttag cggacagtt 780  
cagccccacc gaccctttt ctggcatat agccctactt aagacccttc ctctacttcc 840  
ttctgagttc tctacaaaga catccggta ctacattttc atcccttccc tattttgaca 900  
ccaaattatg gtgttagacag ccctggccca accccaggcc agtcaggcac aatccccca 960  
ccccccaaac gtcttgact gcacagacct cccactccag accatccagg cctggttccc 1020  
aagacccgtt cttttccctg caaccagaca gtctacaact gcccctcca gcccattttc 1080  
tgccgtgaaa ccccaaggccag ccacaccaga ctctggaaacc ctttttcgac tgccccaact 1140  
ctggacacc agggcaacta gaacacccaa caccggact tacagactct cccacccaa 1200  
cctccccaga ctctggactt atgtcttagg cccctccccc aactctaacc agaccccatc 1260  
cccttaatgc ctttttgtttt gaccccaag tcttcaacca gatatctcg gcaacccacc 1320  
tccacccctc ctcctccttc ctttcaagac ccaactgagc acccgctctg attcccccaca 1380  
gcttctcc ctgcgaccac tcccttagtc ttccgggc ttactctccc aataaatgtgl440  
ctagagctt gccaaaaaaa agaaaaaaaaa gtcgacgcgg ccggatt 1488

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 110:

45 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 783 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

55 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

60 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

# DE 198 18 620 A 1

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 110

aacatattgt tgaaaggtaa ttggagagaa atatgaagaa ctgaggagga aaaaaaaaaa 60  
aaagaaaaga accaacaacc tcaactgcct actccaaat gttggcatt ttatgttaag120  
ggaagaattc cagggtatgg ccattggagt tacaagtatg tgggcagatt ttcatgaaac180  
tcttttccca ctgttaagg agttgttgaa ttactgccc tcaacttcata atccagtagg240  
atccagtgtat ccttacaatg tagaaaaacat aatcttctgc ctttcatga tccaactaat300  
gccttactct tcttgaattt ttaacctatg atatttctg tgcctgaata ttgttatgt360  
agataacaag acctcagtgc ctccctgttt ttcacattt cctttcaaa tagggctaa420  
ctcagcaact cgctttaggt cagcagccctc cctgaagacc aaaattagaa tatccatgac480  
ctagtttcc atgcgtgtt ctgactctga gctacagatg ctggtaagc tcacttctgg540  
gcttcatctg gcaacatctt tatccgtatg gggtatgttt gacactagcc caatgaaatg600  
aattaaagtg gaccaatagg gctgagctct ctgtggctg gcagtcctgg aagccagctt660  
tccctgcctc tcatcaactg aatgaggtaa gcatgtctat tcagcttcgt ttattttca720  
agaataatca cgcttcctg aatccaaact aatccatcac cgggggtggg ttttaagtgg780  
gct  
783

5

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

60

65

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 111:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1045 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 111

tctgttctgt ggacaactgt tactgttctt ccgtggccaa ccatggcgcc caccagccct 60  
accccgctc cggccacttt ccctggacag tgcctcgca ggagtactca caccgcgtcc 120  
cgccccacacc ctccgtcccc cagtccttc ccagcctggc ggtcagagac tggttgacg 180  
cctccccagca gccccggccac caggattctt acaggggtgtt tgggcagccg tccacccaaac 240  
actacgtgac gagctaaccgc cacgcaggcg gcggggcgct ggggaatctt cctcccccage 300  
ccccgggctc gggagttatg catccagaga cctgcccttc taccttcctc gcctccccc 360  
ttccctcatc cattggccca ggtctttcc ttttggattt tggtttgggtt ttggcttgc 420  
ttttgatttt ttttttattat gaatctctg gacgcagagg tgacagtggg agtgtggctg 480  
ggccaggacg gcagggtggcc ctggagatgg gaaagtgtct gtgtcgaggg gctgagctct 540  
ctctctgtttt ctccctttttt cctctactcc ttccccttca caccggcggtg gctggaaagga 600  
acctcggctt ccctgaaagc ttgggggttcc cacccttctt accccaccccg ggaggaacgc 660

# DE 198 18 620 A 1

5 ccagggcccc gggcttgtt ctccctttgt tttccttttg gycagttcga tcactgatcg 720  
agtaaggaaat gacctttaga ttgtgcgact ttgttttttgc tttttttaaa tttttttaaa 780  
ccaagaatga tttctctgc ttcccttcgc tcaccatctt cccagacggc gttcaaaggc 840  
cacttctcaa gcagctttg gcacccctcag cctcagagtg gaattttta aagacaggac 900  
ccctatgtcc aggaaagggg aaaaggaact ttgcaatga tagtgaccac agcaaaagca 960  
aataataata atattaataa taataaaaaga gaaaaaaaaaa aatagaataa aaaaccaataa 1020  
gcacagcccc ttgttgaagg tccag 1045

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 112:

### 15 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1386 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20 25 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30 (iv) ANTI-SENSE: NEIN

### 35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### 40 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 112

50 cacactcact gcccattgaag gaagaggggg caagtgtacc gaggaagggg atgcctcaca 60  
gcaagaggc tgcaccccttag gttctgaccc catctgcctc agttagagcc aggtttctga 120  
55 gaaacaagaa gagatgggg ggcaaaagcg cgccggccag gccacggcc gttgtaatgc 180  
agaggagatc aaggtagccc gtattcatga gtgtcagtttgg gtgggtggagg atgctccaa 240  
cccgatgtc ctgtctgtc acaaaatgtca cgtaaaggag ggagaagggtg gtcaggagag 300  
tttcccagag ctgcctcag aggatgaaa gggacaattt ggctgaagtgc tttctctgaa 360  
aaaagccaaa gggttatagg ggtacactta ggggttgcatt gcaagctgtt accaaaaat 420  
ttttaaggat tttcttaatt tgaataataa aaccagagga aatgcataca gggcatgagc 480  
aactgaggca aacctttgtg gacatgaatt gttctacat gaatttttgc ttttagtattt 540  
55 taataagaat tacaaagaca atgcatact tggggtgaga gggagctgag gatgtctgag 600  
gagggatag tattgcaggg aagactgaga aaacagttagg atgacagttt tgagtataact 660  
ctgcactttt caattgtgca atcttctgt gcactttaag gcttttaat tttgtttgag 720  
aatgcaaatg tataactgtaa gtctacctt actatctact atgcctactt caccatctct 780  
taaggactcg gcattttgtcc acagtcagac tgcaagagag ggttaggtcat gaacagtac 840  
ccgtctggc tttttttttt acagaggca tcatgccccaa tagattcaag agaagctaag 900  
cgaaaatgga ggggttggagg tttttttttt gggactgtct gggcttgtt ctcatcctgc 960  
tatcaatttc ttatattaa atcttgcattt ttcttattaa ttaatcacat ttgcaggaa 1020  
ttcagatgag gcaagaaaaat ttatggcc tgggttggac tgaagcattt ccaaatttagg 1080  
60 ctttagactgt gcaaaagggtt tagcttaatgat atcgagctt aaacccgtca attaaacaa 1140  
cattttttttttaa acagttactg catgccacgc actgttttttgg gtttagtaat aaaaaaaaaa 1200  
aaagataatg gttttttttttaa gctttttttttaa aaaggtccaa gggatattaa tcttggagag 1260  
aacatatgcc aatttttttttaa ctatgacagc ttttttttttcc tctttccatt caaataggcc 1320  
cgggttcaatg cccagaaggc cacaatgtaa atgaataat aaataatgtaa ataaagacaa 1380.  
aaaaaaaaa 1386

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 113:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1747 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

10

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 113

30

```

ccagtctgtg agcccttgta ctgtgggtcc ccaccgtctg tcgccaatgc agtggcaact 60
ggagaggcac acacatcgaa aagtgaagtg aaactcagat gtctggaaagg ttatacgatg 120
gatacagata cagatacatt cacctgtcag aaagatggtc gctggttccc tgagagaatc 180
tcctgcagtc ctaaaaatg tcctctcccg gaaaacataa cacatatact tgttcatggg 240
gacgatttca gtgtgaatag gcaagtttct gtgtcatgtg cagaagggtt taccttttag 300
ggagtttaaca tatcagttatg tcagcttgat ggaaccttggg agccaccatt ctccgatgaa 360
tcttgcagtc cagtttcttg tggaaacacct gaaagtccag aacatggatt tgggttggc 420
agtaaaataca cctttgaaag cacaattatt tatcagttgtg agcctggcta tgaacttagag 480
ggAACACAGGG AACGTGTCG CCAGGAGAAC AGACAGTGGAGTGGAGGGT GGCATATGC 540
aaagagacca ggtgtgaaac tccacttgaa ttctcaatg ggaagctga cattgaaaac 600
aggacgactg gacccaaacgt ggttatattcc tgcaacacagag gctacagctt tgaaggccca 660
tctgaggcac actgcacaga aaatggacc tggagccacc cagttccctt ctgcaaacc 720
aatccatgcc ctgttccctt tggattcccc gagaatgttc tgctgtctga aaaggagttt 780
tatgttgcattt agaatgtgtc catcaatgtt agggaaagggtt ttctgtgtca gggccacggc 840
atcattaccc tcaaccccgaa cgagacgtgg acacagacaa gcgccaaattt tgaaaaatc 900
tcatgtggtc caccagctca cgtagaaaat gcaatttgcctt gaggcgtaca ttatcaatatt 960
ggagacatga tcacctactt atttacagt ggatacatgt tgggggttt cctgaggagt 1020
gtttgtttag aaaatggaaac atggacatca cctccattt gcagagctgt ctgtcgattt 1080
ccatgtcaga atggggcat ctgccaacgc ccaaatttgc ttctgtcc agagggctgg 1140
atggggcgcc tctgtgaaga accaatctgc attttccctt gtctgaacgg aggtcgctgt 1200
gtggccctt accagtgtga ctggccgcct ggctggacgg ggtctcgctg tcatacagct 1260
gtttgccagt ctccctgtt aaatgggtt gaaatgtttaa gaccaaaccg atgtcaactgt 1320
ctttcttccctt ggacgggaca taactgttcc aggaaaaggaa ggactgggtt ttaaccactg 1380
cacgaccatc tggctctccc aaaacggaa tcatctctcc tcggtagtgc ctggccatcc 1440
tggaaacttat gcaaaagaaatg tccaacatgg tgctgggtct ttttttagttaa acttggtaact 1500
tgggggtact ttttttattt tggatatat ttttttattt cttgtgacat actttcttac 1560
atgtttccat ttttaaatat gctgttattt tctatataaa aattatatta aatagatgt 1620
gctctaccct cacaatgtt acatattctg ctgtctattt ggaaagttcc tggtacacat 1680
ttttatttccat ttaactaaaaa tgattttcc attaaatgtt attttgcataaataaaaaa 1740
aaaccgc

```

35

40

45

50

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 114:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1526 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 114

cgagcccaca ggccccggag tagcagcggg gaggccggga gccccgggc cggagccgcc 60  
cggccgaggc gtggggctg cggggccggc ccatccgtgg gggcgcacttg agcgtttagg 120  
gcccgcgggg aggcgagcca ccatgttcag ccagcagcag cagcagcagc tccagcaaca 180  
gcagcagcag ctccagcagt tacagcagca gcagctccag cagcagcaat tgcagcagca 240  
gaagttactg cagctccagc agctgctcca gcagtcggca ccacaggccc gttgccatgg 300  
tgtcagcggg ggtccccgc agcagccaca gcagccgctt ctgaatctcc agggcaccaa 360  
ctcagcctcc ctccctaaacg gtcctcatgct gcagagagct ttgtctttac agcagttgca 420  
aggactggac cagtttgcac tgccaccaggc cacgtatgac actgcggc tcaccatgcc 480  
cacagcaaca ctgggttaacc tccgaggcta tggcatggca tccccaggcc tcgcagcccc 540  
caggctcaca ccccccaac tggccactcc aaatttgcac cagtttttc cccaggccac 600  
tcgcccattcc ttgctggac ctccctctgt tgggtcccc atgaaccctt cccagttcaa 660  
cctttcagga cggAACCCCC agaaacaggc ccggacctcc tccttctacca ccccccaatcg 720  
aaaggattct tcttctcaga caatgcctgt ggaagacaag tcaagaccccc cagaggggtc 780  
tgaggaagcc gcagageccc ggatggacac accagaagac caagatttc cgcctgccc 840  
agaggacatc gccaaggaaa aacgcactcc agcacctgag cctgagccctt gtgaggcgtc 900  
cgagctgcca gcaaagagat tgaggagctc agaagagccc acagagaagg aacctccagg 960  
gcagttacag gtgaaggccc agccgcaggc cggatgacag taccgaaaca gacacagaca 1020  
ccagacctgc tgcctgagcc cctggaaagcc caagtgcgtc cacgattcca gccacgggtc 1080  
ctgcagggtcc aggcccaggc gcaatcagactcagccgc ggataccatc cacagacacc 1140  
cagggtgcgc caaagctgca gaagcaggcg caaacacaga cctctccaga gcacttagtg 1200  
ctgcaacacaga agcaggtgca gccacagctg cagcaggagg cagagccaca gaagcaggtg 1260  
cagccacagg tacagccaca ggcacattca cagggccca ggcaggtgca gctgcagcag 1320  
gaggcagaggc cgatcagaac ggtgcagccca caggtgcgc cccaggcaca ttccacaggc 1380  
cccaggcgc gtgcagtc agctgaggaa gcaggtccag acacagactt ttccacagg 1440  
gcacacacag ggcacagccca agttccagg cacaggcgc ttcttccggg cgcgggttgc 1500  
agtttcaggc caccaggccc agggcc 1526

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 115:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 1205 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

10

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

15

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

20

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 115

25

```

cccgagaaaa accaattaa tgcttctgtt ctcagcatt cacagcatgc aggactcaa   60
tggatacaac agaagaaaac aaccacaaat ttttggaaaa ccctttgtcc aatgattcat 120
atttgatata ctattgacaa tcaccttagaa cttaaatct caaaaacaaa aaagtactgt 180
ggatctccct cgagccaaat tcggctcgag ggccgtcacc tggagatgag aaaggcccc 240
ggggggggacc atgtgcgtgt gtcacacgag cagccgagag gcccggggggcc 300
caggagccca ggcagaggcc agagccagag ctggggctca aacgagctgt cccggggggc 360
cagaggcccg acaatgcca gcccaaccgg gacctgaaac tgcaggctgg ctccgacctc 420
cggaggcgcac ggcgggaccc tggccctcat gcacagggtc agctggcccc gagggatggg 480
gtcatcattt gccttaaccc cctgcctgtat gtccaggta acgcacctcg tggccctgt 540
gtgccccagc tccggccaggc tgccggggga gctctgcagg tggccacag cccgcagctt 600
agacaggcgc ctgggcctcc agaggagtcc tagcacctgc tggccatgag gcccacgcca 660
gcacactgccc tcctcgccca gcacgaggcc tgcacccatgc gcatccctgc caaactctgg 720
aggtcacact cgcctctccc cagggttca tgcacccatgc ctcaccaag tgcagggtc 780
agtataaaaag attcaactgtg gcatcgttt cagaatgttc ttgcgtgtgt tctgttgtcag 840
ctcttagtct gaggtctct gacctttaga ctctgagctc actccagcct gtgaggagaa 900
acggcctccg ctgcgagctg gctgggtgcac tcccaggctc aggctggggaa gctgctgcgt 960
ctgtggtcag gcctccctgt cctggccaggg agcacgcgtg gtctcgggt tgactcgcc1020
cgtgcgtgga ggtgcgcgtg gctgctcatg gtcccaaacac aggctactgt gagagccagc1080
atccaaacccc acgcttgcag tgactcagaa tgataattat tatgactgtt tatcgatgt1140
tcccacagtg tgtagaaag tcttgaataa acacttttgc cttcaaaaaaaaaaaaaa1200
aaaaaaaaa1200
aaaaaa
1205

```

30

35

40

45

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 116:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:
- (A) LÄNGE: 3968 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

60

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

65

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

DE 198 18 620 A 1

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 116

# DE 198 18 620 A 1

ggcaattgaa taaaagagaaa tttaatttta aatatcaagt cctgtcaaac atttctaaaa3000  
 cttctgatt tatcaaaggc ttgcgcataaaatgtca tcccaagtat acacgggaga3050  
 aagctagact cctacagggc cctagagttt aagtaatttt ttgttatta atataggtaa3120  
 taattttct aattttatt ttgttccaaatgtaaag ctcttgtgt ttacctctgt3180  
 ttatgtcatt cttgacatgt ttatctaataat tatgtgtgt ctgtgacagg tgaaatgtaa3240  
 atctgggatc catagtcag atatcataag gacctactc ccagcctacc tttttccctc3300  
 tacctgataa tgataataact caaaaataaca acattcaaaag gaaacacaaa gaaatcctgc3360  
 tttcacatct cctattctt ggctccctta ataactactg atggttggcatgaaaaaaa3420  
 aatttttaaa tcaaaagatt gtactggcc ctgagttgaa aaaatttcaa aaatcaaaag3480  
 ttgtacttg gccctgagtt gaaaaaaaaa attcacatc taagaataaa cagaaaaatg3540  
 ttcttcttg aagtaataaa caaaaagccat agtgtttca ttgttcttt cttcaggata3600  
 cacggtagaa gtcagagaat cttgataact ttatgggt gcaataatca aggccatgca3660  
 acaacccaaa atcaagcatt ttgttcaag tcaggatgac atgagtgggg acagaagctg3720  
 tggcagtcat tcaaataatc tcatgggtcc tgaggaaaag acaggagttt acgttataag3780  
 ttctactat atgcaggaac tggatataat attttacata agtggatata atagctaaca3840  
 ttagctgagc acaaaaatttggccctgatt tggatgttggat atcttcaca gattactgct3900  
 tttaatcagc agtccctgtg agttaggtat gatcattatacccattata gattacggat3960  
 gagattcg 3968

5

10

15

20

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 117:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

25

- (A) LÄNGE: 798 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

35

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### (iv) ANTI-SENSE: NEIN

40

### (vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

50

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 117

55

gtaatggaa atttgggttg ctgaatcttc ttccctaggat attgatataat tccacgcttc 60  
 tagtggat tctggaaattt acatccctgtc cagttttgc cctagggtac tagaaagagg120  
 agattgtcca aacttagcag tatggtccat ctgtgtaga agtggaaatg tcatacaggaa180  
 tagcaaacac tcttgggtcc tttttgccta ggcttgccta gagccggcaa cagcaacaaa240  
 atgtggagga tgcaatgaaa gagatgcaaa agcctctggc ccgttatatt gatgacgaa300  
 atctggatag gatgctaaga gaacaggaaa gagaggggga ccctatggcc aacttcataca360  
 agaagaataa ggccaaggaa aacaagaata aaaaagttag acctcgctac agtggtccag420  
 cacctctcc caacagattt aatatctggc ctggatatacg ctggacggc gtggacagat480  
 ccaatggatt tgaacagaa cgctttgccta ggcttgcctag caagaaggca gtggaggaac540  
 ttgcctcaaa atggatgtt gaggatatgtt aacttccctt aggtgtggg ggtggctggg600  
 ctgtggatgtt gggcataggc agcagagat ccaatggtaa cagttgtctg tgctaataat660  
 tgagccccac acagaccaggc aacttggta atgcccgtt tgaccacaga agaatattcg720  
 agacctgtat tttggattga ggtacctgtt cttcttgggg tggatgttggc agcgggtttt780  
 ggtgggtttt cagaggaa 798

55

60

65

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 118:

### 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1068 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- 10 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

20 (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### 20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### 25 (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## 30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 118

35 cccctctctg tgactcagtc tctgagcggtt ttaatacgat ggtgtccccg cgggatcaaa 60  
cttcagcgctc acagctgagg actggcttcg tggccctga tggagagca tgaacaggtg 120  
gtatgtgaag cccttgaga ccagctttc caaagtcaaa gccaagagcca ttgttatgtat 180  
tcccgactcc cagaagctcc tgcgtatgtga acttgagtca ctcaagagcc agttacaggc 240  
ccagaccaag gcttcgagt tcctgaacca ctcaagtgacc atgttggaga aggagagctg 300  
cttgcagcaa atcaagattc agcagcttgc agagggtctg agccccacag gccgccaggg 360  
agagaaggag gagcacaagt ggggcatttgc gcaggcccgg caggagctgt atggggccct 420  
40 gacccaaggc cttcaggggc tggagaagac cctgcgtgac aqgtggggaga tgcagcgggc 480  
ccgcaccact cgctgcctgc agctgttgc ccaggagatc cgggacacca agaagtctt 540  
gtggggaggag ctggaaatggc ggtgacccatc atctatcaga agcttcaagc 600  
gcaggaggat gagatcttag agaacttggt gaacatttcg aaaaatgcaga aaacgcaggt 660  
50 gaaatgcgc aaaaatctga ccaagatgaa gcagcagggt catgagacac ccgcctgtcc 720  
ggagactgaa gagataccgc aggaggccatg ggctgttgc aggtatgaccc ccagaaggaa 780  
ctgagtgata tatggctgc tggcacgtt ctgcagaact ccatacagac cctcaactt 840  
tgctcggggg cctgtccaa ggcctcgagc ctaagaggcc acaaggggca ccagtgcctg 900  
agccctccac tccccctctg ggactctgac tccgactctg accaggaccc ctcccagcca 960  
ccttcagca agagcgcgcc ccccttccca cccgttgag cagccgggac tgctctccct 1020  
55 gaagacccct ccagagagaa aataaaactag cccagaccct cctctaaa 1068

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 119:

### 55 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 4584 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- 60 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung  
hergestellte partielle cDNA

# DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(C) ORGAN:

10

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 119

15

ctcgagccgc tcgagccgcg gaagtaattc aagatcaaga gtaattacca acttaatgtt 60  
tttcattgg actttgagt aagattattt tttaaatccct gaggactgc attaattgac 120  
agctgaccga ggtgtcacac agaagtggat tcagtgaatc taggaagaca gcagcagaca 180  
ggattccagg aaccagtgtt tgatgaagct aggcccttggg gcaagaggc aagcagcagt 240  
tgggtggtaa gataggaaaa gagtcagga gccagtgcga tttggtaag gaagcttagga 300  
agaaggaaagg agcgctaaccg atttgggtgtt gaaaagaggg attggagtg gttaggatgaa 360  
acaatttggaa gaagatagaa gtttgaagtg gaaaactggg agacagaagt acgggaaggc 420  
gaagaaaaga atagagaaga tagggaaattt agaagataaa aacataacttt tagaagaaaa 480  
aagataaattt taaacctgaa aagtaggaag cagaagaaaa aagacaagct aggaaacaaa 540  
aagactaaggc caaaatgtac aaacttagaa gaaaatttggg agatagaaac aagatagaaaa 600  
atgaaaatat tgtcaagagt ttcatagata aaatgaaaaaa caagctaaga caagtattgg 660  
agaagtatay aatataaaagc caaaaatttggg ataaaatagc actgaaaaaaa 720  
tgaggaaattt attggtaacc aatttattttt aaaagccccat caatttaatt tctgggtgtg 780  
cagaajttag aacgttaaaqg ttgagaagat gagggtgttt acgttagacca gaaccaattt 840  
agaagaatac ttcaagctag aaggggaaagt tggtaaaaaa tcacatcaaa aagctactaa 900  
aaggacttgtt qtaattttaa aaaaactaaag gcagaaggct tttggaaagag tttagaagaat 960  
ttggaaqqcc ttaaatatag tagcttagt tggaaaaatgtt gaaggacttt cgtaacggaa1020  
gtaatccaag atcaagagta attaccaact taatgtttt gcattggact ttgagttaa1080  
attattttttt aaatccttag gacttagcatt aattgacage tgaccagggt gtcacacagaa1140  
agtggatcca gtgaatctag gaagacagca gcagacaggg ttcaggaaac cagtgtttgaa1200  
tgaagcttagg actgaggagc aagcgagcaa gcagcagttc gtggtaaga taggaaaagaa1260  
gtccaggcgc cagtgcgatt tggtaaggg agcttaggaag aaggaaggag cgctaacgat1320  
tttgtgggaga agcttagaaaa aaggattcca ggaaggagcg agtgcattttt ggtgatgaa1380  
gtagcaqqcq qcltqqctg gcaaccacac ggaggaggcg agcaggcggt gtgcgttaga1440  
gatcctagac cagcatgcca gtgtgccaag gccacaggga aagcgagtgg ttggtaaaaa1500  
tccgtgaggt cggcaatatg ttgtttttt ggaacttact tatggtaacc ttttattttat1560  
tttcaataat aatggggggag ttctgactg aggtgtaaag ggatttatat ggggacgtag1620  
gccattttcc gggtgttggta gttttctt ttcaggctt atactcatga atcttgtctg1680  
aagcttllya yygcagactg ccaagtccctg gagaatagt agatggcaag ttgtgggtt1740  
ttttttttt acacgaattt gaggaaaaacc aaatgaattt gatagccaa ttgagacaat1800  
ttcagcaaat ctgtaaagcag ttgtatgtt tagttgggtt aatgaatgt ttcatgtttg1860  
tgaatagatg acctttttt acttcctcac cctgaatttcg tttgttaat gtagagttt1920  
gatgtgttaac tqaqcgggg gggagttttt agtatttttt tttgtggggg tggggcaaa1980  
atatgttttc agttttttt cccttaggtc tgcgttagaat cctaaaggca aatgactcaa2040  
ggtgtAACAG aaaacaagaa aatccaaat caggataatc agaccaccac aggtttacag2100  
ttttagaaaa cttagcgcgt tctcacgtt aggtctgtgg aagagatgtc cattggagaa2160  
atggctggta gttactctt ttccccccca ccccccttaat cagactttaa aagtgttaa2220  
cccccttaaac ttgttatttt ttacttgaag cattttggga tggcttaac aggaaagagaa2280  
gagggtgggg gagaaaatgt tttttctaa gattttccac agatgtata gtaactattgaa2340  
caaactggg tagagaagaa gtgtaccgcgt gtgtgtttgg cacgaacacc ttcaaggact2400  
ggagctgtt ttagccctgg aagagatattc ccagttgaag ctgaaaagta cagcacagt2460  
cagcttggc tcatattcag tcatctcagg agaacttcag aagagcttga gtaggc当地2520  
tggtaagtt aagttttcca ataatgtgac ttcttaaaag ttttattttt ggggaggggc2580  
aaatatttggc aattttttgg cagtgcctg ttacgggttgg gattgggtgg gtaggttttag2640  
gtatgtttt agtttatgt tgcagataaa ctcatgccag agaacttaaa gttttagaaat2700  
ggaaaaagta aagaaatatac aacttccaaag ttggcaagta actccaaatg atttagttt2760  
tttccccca gtttgaattt ggaagctgg ggaagttaaa tatgagccac tgggtgtacc2820  
agtgcattaa tttggcagaa gaaagtgtca taatttgcata ctgtatctgt tttccctcaaa2880  
65

# DE 198 18 620 A 1

5 agtatacgc ttttgggaa ggaaagtatt gaactgggg ttggctggc ctactgggt2940  
gacattaact acaattatgg gaaatgaaa agtttttg aataaytagt gtgtggct3000  
cttttggaat ttttttcagg tgatthaata ataatttaaa actactatag aaactgcaga3060  
gcaaaggaag tggcttaatg atccctgaagg gatttcttct gatggtagct tttgtattat3120  
caaactttt tcagataaca tcttctgagt cataaccgc ctggcagtat gatggctag3180  
atgcagagaa aacagctcct tggtaatttg ataagtaaag gcaaaaaaga ttatatgtca3240  
tacctccatt ggggataaag cataaccctg agattcttac tactgatgag aacattatct3300  
10 gcatatgcca aaaaattttt acaaatgaa agctaccaat taaaagtttac ggaatctacc3360  
attttaaagt taattgtt tcaagctata accacaaaaa taatgaattt atgagaaata3420  
caatgaagag gcaatgtcca tctcaaata ctgctttac aaaagcagaa taaaagcga3480  
aagaaatgaa aatgttacac tacattaatc ctggaataaa agaagccgaa ataaatgaga3540  
gatgagttgg gatcaagtgg attgaggagg ctgtgcgtg tgccaatgtt tcgtttgcct3600  
15 cagacaggta tctcttcgtt atcagaagag ttgcttcatt tcacatcgaaa gcagaaaaca3660  
gcaggcagct gttacacat aagtttaact tgcatctgca gtattgcatt ttagggataa3720  
gtgcttattt ttaagagctg tggatgtttt aaatcaac catggactt tctcctgacc3780  
cctcccttag gggatttcag gattgagaaa tttttccatc gagectttt aaaattttag3840  
gacttgttcc tggggcttc agtgatgggaa tagtacactt cactcagagg catttgcattc3900  
tttaaataat ttcttaaaag cctctaaatg gatcagtgcc ttgatgcca ctaaggaaat3960  
20 ttgttttagca ttgaatctct gaaggctcta taaaaggaaat acaatgtgt gctgttagaa4020  
tcagatgtt ctgctaaat ttacatgtt tgatgtaat tggtagaaa accattaaat4080  
cattcaaaat aataaactat ttttatttga gaatgtatac ttttagaaag ctgtctcatt4140  
atttaaataa aatagtgttt gctgttagtt cagtgatgggaa gcaatcttgg ggggattct4200  
tctctaatct ttcaaaaact ttgtctgcga acactcttta atggaccaga tcaggatttg4260  
25 agcggaaagaa cgaatgtaac tttagggcag gaaagacaaa ttttatttctt catabaaatgt4320  
tgagcatata ataattccag gcacatggca atagaggccc tctaaataag gaataaaataa4380  
cctcttagac aggtgggaga ttatgtcag agtaaaaggt aattacacat ttatattcca4440  
gaaagtcaagg ggtctataaa ttgacagtga ttagagtaat acttttcac atttccaaag4500  
tttgcattttt aactttaat gcttacaato ttagagttt aggaatgtt ttacactatt4560  
30 gaccttatata agggaaaaaga tgag 4584

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 120:

### 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 982 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### 45 (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

### 50 (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### 60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 120

65 gtggagggga ccctgtgggtt agcagcagct atccgcagcgt cggatgttca gagcagcaga 60  
agccggcgctc gtcggatgtt gtgttgcctcg ccaccatgat ctacacaggc ttgttccagg120  
gatctgaaac cactttgcag tcgacatact cgataccag cgctcagccc acctgtgatt180

# DE 198 18 620 A 1

atggatatgg aacttggAAC tctgggacaa atagaggcta cgagggctat ygctatggct 240  
 atggctatgg ccaggataac accaccaact atggctatgg tattggccact tcacactctt 300  
 gggaaatgcc tagctctgac acaaatgca acaactagtgc ctccggtagc gccagtggcg 360  
 attccgtttt atccagaatt aaccagcgct tagatatggt gcccatttg gagacagaca 420  
 tgatgcaagg aggcgtgtac ggctcagggt gagaAAggta tgactcttat gagtccctgcg 480  
 actcgagggc cgtectgagt gagcgcgacc tgcgtccggc aggttatgac tacagcgagc 540  
 ttgaccctga gatggaaatg gcctatgagg gccaatacga tgccctaccgc gaccagtcc 600  
 gcatgcgtgg caacgaaccc ttccggccca gggcacaggg ctggggcccg gatgccccga 660  
 gccccggcc aatggccgca ggctatggc gcatgtgggaa agaccccatg ggggccccgg 720  
 gccagtgcac gtctgtgc ttcggctt ccctccctt tctcccaagaa catcatcccc 780  
 gagtacggca tggtccaggc gcatgcgagg ttggggcgcc ttccggccg gcttcccggt 840  
 ttggtttcg ggtttggca tggcatgaag cagatgaggg cggactggga agacggggac 900  
 cacagccgat ttgcgaacca agaagaagaa gagaAAgcag ggccgcattc tgattgagcc 960  
 agtttagcaaa gcagccgaa tt 982 15

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 121:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 742 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA 30

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 121

ctcaacttcg cactgactgcg tgctctcaaggc cgacgcggcg gcctactctc gcactgcaga 60  
 cggggaaaact gaggcccgag gcggccgggg tggggcagac ctcccgccga gcccggcc 120  
 ccggcccccgg ctggcccccgc cctggcccggt aagaaggcacc cggggcgcga ggcgaaggcg 180  
 cacagcgccg ggccagcgctg ggtccagcgag cgccatggca gctcagccgc tggcaagcg 240  
 cgtgctgagc aagctgcagt ctccatcgcc ggcccgccgg ccagggggca gtcccggggg 300  
 gctgcagaag cggcacgcgc gcttcaccgt caagtatgac cggccggagc tgcaigccgc 360  
 gctggacgtg gagaagtggc tcgacggcg cctggaggag ctgtaccgcg gcatggaggc 420  
 agacatgccc gatgagatca acattgtatgaa attgttggag tttagagatg aagaggagag 480  
 aagccggaaa atccaggggac tcctgaagtc atgtggaaa cctgtcgagg acttcatcca 540  
 ggagctgctg gcaaagcttc aaggccctca caggcagccc ggccctccgcg agccaagccc 600  
 ctccccacgac ggcagcctca gccccctca ggaccggggcc cggactgctc accccctgacc 660  
 ctcttgact ctccctgcccc cccggacgcgccc gcccagctt ctttgtata agttgtat 720  
 aatggttctg taacaataaa aa 742

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 122:

## (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 2330 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜL-TYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

## (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 122

```

30 gtttggacaa gttgttttaa taggaaatag acctgcgtgc ttcatagggtt tcctcaaccca 60
ccttcctca gctttcttaa aatggatct acattggctc ttcacaccca aataggcagac 120
taatcgtttt tctgttttagc accgtctggt tcattgtctt gaactctgcc ttacagcagc 180
aagaaaaattt tcccttgataaa gaacctcaat cttagttcc attgagctcc ccctctggat 240
tttggactta ccagaagtag gaggttctga taccatccaa gatggctttt ccttcaaagc 300
aggctgaaag aggagactac caaaggactt tttacaacc cagagtccac acaaccatat 360
tgcataagaac agcaacttggc ttccacaago ctccatcagg acctgggtga attggagtga 420
aaggccagaa accttggaaag tggaggtggc tgggtgtgc gatgggaaga aggccagaagg 480
cccaggggctt tgagacatag agcagggtgg aagctgcaag tactggaaag gaagagagtt 540
tcacatggaaa aatggcttttgt cacacagaaa tgatgttgtt ctcactggtg acttcatccc 600
tcaggctcca gctgagcaga gatttaatc agcttcctta atgggtattt acactgctca 660
ggaaggcgtt aaccctgtca gggacagcta ttgatctttt gtgttctgtat tagattggaa 720
aatagatcaa ctccattgtta gtccaggaac ttgttgtcac agctactagg aatgagggtga 780
tttctgagggtt ctgagaaaaaa acacagaatc ttggccagca gccagcagct gcatggtaa 840
agatgcattt ctttctccctt tgagagttgg gtttgagggg aaacatagaa cccagggttt 900
gcttacaacc cagtgtcccg gaaggccctcc ttccggagaaa ctgtaaatgggatgggtgt 960
tgtctaaaga caataccatt aatgaatgtt ctggccttac ctaaaaaggt ttagcaattt1020
ggggataact ctggatcta gcttatgtgc gttcacatgc acatttgcta gcccagagct1080
tttaaaatgtt cgtctggcat atacttgatt acaaataatgaaa actcagaaac caattttattt1140
tattaaatca tatcttttgtt tttttccctt cccttctaaat cccccaaagg acctatttga1200
gtgttccrcc aatttcatctg cttatttttgg accatgaatc tgccagagtg atatttctg1260
ttatcttctcc tccaaatttt tccctgtatgt ttccaaataaa gatttacttg ggtggccctt1320
taaggtgaca tcaggatgtt cttatgtctt tccagaataaa gcatacactt cactcctctt1380
cctttcatct ccctctgtat tcttaattcc ttgtttttt cacttggagc cgagggtgt1440
tttagagaggtt cgttttccat gaatcagcca agatccctgt agaaatggg tatacttatt1500
55 ccagttcaaa agctcctcgg ctatgctaattt gttccctcaag agatgagggtt tgacttttag1560
gcccgtatya cccctccata gcttggccaa ggagaccatg agtagccatg tctgggttac1620
tctttatctt cagactgtttt gtttataatgtt taaaacagaa gttgtgttttcc ccaagccaaa1680
ccataatcaat cagtgtatca gtgcatactgg tggcaacagc tcagccattt caaagagcaal740
ggattcagga aaggccacact gatgggggg agccctttaa gagcccttaa ttttctccca1800
60 aaaccagatg tgagagtcgg agtgcctgtc gtcggggccc actattccctt aataaggggac1860
atgcaaggcc cagaagttagc ttgactctcg cctaaatatc tttgtgtttt cctgttccctt1920
ctcccaactctt actgaaaccc ggaacagatt cccgcttgc ttctgtatgaa gagaggttag1980
gtaaagagag tttggaggaa aaaagacacc aggaggcagg ctgtgggtt gggaggggtt2040
ctgagaggag ccagcaatcc agaataccctt ctttctgtc cagcatccct tgaacttttg2100

```

# DE 198 18 620 A 1

aaagggttgc cctaccactg gctggcacac caggccatg attccctgc a>aaggaaggj2160  
 aaagaatgtt ttcacccttg catccttctt gggag>ugt >cag>tgt tgcitcajt2220  
 tgagtgggt tcacattcag gat>ttgggg tttatgggt tttccttcct ccctgtgtt2280  
 tgcccgaac gttatcaac aggggtgaaa aaggccacc tgagggttc 2330

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 123:

10

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

- (A) LÄNGE: 1860 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

### (ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

20

### (iii) HYPOTHETISCH: NEIN

25

### (iii) ANTI-SENSE: NEIN

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

30

### (vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

35

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 123

gaggcagttt gagatcacca gcattccgt ggtatgtctgg cacatcctgg aatcgacta 60  
 tagcaggctc cccaaacaaa gcatcgggca gttccatgag gggatgcct atgtgtcaa 120  
 gtggaaagttc atggtgagca cggcagtggg aagtgcggc aaggagagc actcggtgag 180  
 ggcagccggc aaagagaagt gcgtctactt cttctggcaa gcccggcact ccaccgtgag 240  
 tgagaaggcc acgtcggcgc ttagtacgggt ggagctggac gaggaaaggg gggcccgagg 300  
 ccaggttctc cagggaaagg agccccctgt ttccctgcag tggcccttccagg gggggatgg 360  
 ggtgcactcg gggaggcggg aagaggaaga agaaaatgtg caaatgtgact ggcggctgta 420  
 ctgcgtcgct ggagagggtgc ccgtggaaagg gaatttgcg gaatggccct gtcactgttag 480  
 cagcctgagg tccagaactt ccatgggtgt gcttaacgtc aacaaggccc tcatactac 540  
 gtggcacggg tgcaaaggccc agggccacac gaaggaggtc ggaaggacgg ctgcgaacaa 600  
 gatcaaggaa caatgtcccc tggaaagcagg actgcatagt aacgcaaaat tcacaataaca 660  
 cgagtgtgat gaaggctccg agccactcg attctggat gccttagaa ggagagacag 720  
 gaaaagctac gattgcatgc ttcagaatcc tggaaagttt aacttcgcgc cccgccttgt 780  
 catcctcage agctccctcg gggatttgc agccacagag tttgtgtacc ctgcccggac 840  
 cccctctgtg gtcagttcca tggcccttcct gcaggaagat ctgtacagcg cccccccagg 900  
 agcactttc cttgttgaca atcaccacga ggtgtaccc tggcaaggct ggtggccat 960  
 cgagaacaag atcactgggtt ccggccgcatt cccgtggcc tccgaccggaa agatgtcgat 1020  
 ggagactgtg ctccagact gcaaaaggaaa aaatctcaag aaaccagccc ccaagtctta 1080  
 ccttatccac gctggctcg agccctgcac attcaccaat atgtttccca gctgggagca 1140  
 cagagaggac atcgctgaga tcacagagat ggacacgaa gtttcaatc agatcaccct 1200  
 cgtggaaagac gtcttagccca agctctgtaa aaccattac ccgtggccg acctcctggc 1260  
 caggccactc ccggagggtt cgatcctctg aagcttgcgaa tctatctcact cggacgac 1320  
 ttcgatgtt cactagacat gacggggat gaatacaacg ccctggccgc ctggaaagcag 1380  
 gtaaacctga agaaagaaa aggctgttc tgagtgggg aacggccagag gagcctcaccg 1440  
 gtcacgtcca acaacaccac tgcaccaggaa aatggat atatgttgg actgggttt 1500  
 ttcacaaatc attttcaat cagatgttcc agaacctgc attgttaaag atactgctg 1560  
 tcccggagtt gtgtatgttca agggaaactt ttggccacca 1620

40

45

50

55

60

65

DE 198 18 620 A 1

ttcaggaggt tatcagaatt aataaaagta tctgtatgt gcacttaagc cytagctgc1680  
 atagatagca ctgccttctt gttccagcta ggcaacgcct tttttttt ttgaagcagl740  
 ttctctttat aaagtgttat ttgatagtt tgtggattct aaaataccat ataagtcaaa1800  
 tatggattta acaaagcaat atgtattcat tcactttcga gattttggggg ttgtttttt1860

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 124:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 807 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYPE: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH  
(C) ORGAN:

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

(A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 124

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 125:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:  
(A) LÄNGE: 1932 Basenpaare  
(B) TYP: Nukleinsäure  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung

DE 198 18 620 A 1

#### hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

5

(iii) ANTI-SENSE: NEIN

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

14

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

#### (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 125

20

2

80

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 126:

#### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

60

(A) LÄNGE: 3024 Basenpaare

(B) TYP: Nukleinsäure

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

65

# DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

(iv) ANTI-SENSE: NEIN

(v) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

(vi) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 126

atatatgtta agacattccc ttgctaatta ttttcttc tggttgtcta tttttttgg 60  
ccagtttgcgt gtttttaaag ttttgagtcc cagctggtcc tgtacattta actgaaaaaa 120  
aagaactta aaataatata aaaatagcac tcatacgatgt cctacagttt taggtaaaat 180  
ttgatattgt ttgttaca tagcataacct atagacagct taagtaaagt gactgttaaag 240  
agggttatgc ttattgtga actctttagt ttgtttaccac gctctgttag tatagttaaa 300  
ttgatctcag tagcttcaag tatttataaa atgggtgaag tccaaataca tgtgataatt 360  
acaatacact ttgaattaat ggggggtggg aggctagttt aaatgcattt tatttaccca 420  
aggagtatgt taaaatgata gttataatgt ttggaaagttt aaagcaagat actcagttt 480  
gttcttaca aatcataaga agaacaataat tagatgttga cattgttattt tttaggcgtgt 540  
tggtttccat atgcttctt ctttccctgt cacaggtggt ggcagcaata ttgggtgtat 600  
tgggttatgt ctggcaccc tacacacag ggcacaaatg gtgttagctg ggcagaaaaga 660  
gtggcatctc tggctacccg gctggggcg acctttacca taggtgaat taaccttgca 720  
ttccgctgca aggttactg tacgtacaca ggtgtggcgt gatgtccact ttctgctttt 780  
cttctttctt ttttttctt tttaaatgtaa tttccccac agtaaaatac actgactct 840  
gatgtttttt atttccagt tttatggaaat tggggatctg acaagtaaa ccaatttaat 900  
gttaatgtatt tggcttcaa atggtttctc tttttttttt tttttttttt tttttttttt 960  
cagagatata ttacgtctt gattcaattt aaaatttgtt cttttttttt tttttttttt 1020  
atgtattgt tctgtgcaga aaaaaaaaaa cccaaaaaggaa ttgtttttttt ccaagaggag 1080  
agattgtctt aggataaaacc tccaagctca catttaatata aacagactga agtaaacat 1140  
agaatcctgt ttagagctat tctgcacagt taactactga tttttttttt cttttttttt 1200  
atatgaactt attcttaaat aattttttttt tttttttttt aatgtactt tttttttttt 1260  
tagtttggaa aaaataatgtt gttttttttt tttttttttt aatgttattt tttttttttt 1320  
cataaaatag catttttattt ttgtatgtt gttttttttt cttttttttt gccaaagaaa 1380  
tttcatttttt ctgtttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1440  
gttgggtgacc caaggcttattt gtaacaaatgtt gttttttttt tttttttttt 1500  
aacaattttttaat tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1560  
ggaaaaaaaaa gagaagggggg tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1620  
taattttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1680  
tattttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1740  
tgcattttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1800  
ttttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1860  
tagtataaga tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1920  
tttattttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 1980  
acatcaccat tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2040  
atctttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2100  
tggcacccctt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2160  
acgatctgtt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2220  
ggtaggtttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2280  
tctttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2340  
tggatgtttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2400  
aatcccaaga gttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2460  
ggatgtttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2520  
aatacacttta acacaaaccc tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2580  
gaagattttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt tttttttttt 2640

# DE 198 18 620 A 1

tattatttat agacaataga agtatttctg aacatatcaa atataaaat tttaaagat2700  
 ctaactgtga aaacatacat acctgtacat atitagaat aagctgctat atgttgaatg2760  
 gaccctttt ctttctgtat ttttagttct gacatgtata tattgcttca gtagagccac2820  
 aatatgtatc tttgctgtaa agtgcaagga aattttaaat tctgggacac tgagtttagat2880  
 gtaaataact gacttacaa agttgaattt ggtgaggcgq gcaaatcacc tgaggtcagc2940  
 agtttgagac tagcctggca aacatgtatc aaccctgtct ctactaaaaa tacaaaagaa3000  
 aaaaaaaaaa aactcgaaac tact 3024

5

10

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 127:

### (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIK:

15

- (A) LÄNGE: 505 Basenpaare
- (B) TYP: Nukleinsäure
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: aus einzelnen ESTs durch Assemblierung und Editierung hergestellte partielle cDNA

25

(iii) HYPOTHETISCH: NEIN

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH
- (C) ORGAN:

35

(vii) SONSTIGE HERKUNFT:

- (A) BIBLIOTHEK: cDNA library

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 127

ctgcacgggc gcagatgtag .gcacccgtcc gagtgccctgc cctctgtccc cgccgctggg 60  
 ttcgtctgc tccggttctt gggctctaa ttcttggtcc agcttcttcc aggtctgcgc120  
 gtctgttgtt cccagcgctc tgccaagctg aaaaggagga gcaacctgtc cagaatcccc180  
 gcaggacagg aaaaggaggg gaaatctcgat catggaaaaa ctctacagtg aaaatgaagg240  
 aatggcttca aaccaggaa agatggaaaa tgaagaacag ccacaagacg agagaaagcc300  
 agaaatctaact tgtactctgg aagacaagaa gttagaaaaac gagggaaaga cagaaaacaa360  
 gggcaaaaca ggagatgagg aaatgttaaa ggataaagga aagccagaga gtgagggaga420  
 ggc当地 aaaaagaa ggaaatcgat agagggaggg agagtcaagat atggaggagg tcgagagaga480  
 gggaaaccgc ggttagggaa gcgaa 505

45

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 128:

- (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

55

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

S

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 128:

10 PPLLRLFFFY LRKFISTSTA EIRKWYRFGQ IILYEMDPHT TSFLIQARYN IIPGFSKSSQ 60  
HGYLCYSVLA FIAASSFRRA FFSKFKLVKV SCLWAFLPS ITMKMHPTTV RAIIR 115

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 129

- 15 (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 129

VRDGAPGLSC GFVQNPFILF KSELLVSLRD EETSLSHNLK QLPAARRPL RLPMATCYS 60  
35 DQRRTSPGTVA LVSSMSPSV GV 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 130

- 40 (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 130

60 QVAMGSLSGL RLAAGSCFRL CERDVSSSLR LTRSSDLKRI NGFCTKPQES PGAPSRTYNR 60  
VPLHKPTDWQ KKILIWSGRF KKEDEIPEPV SLEMLDAAKN KMRVKISYLM IALTVVGCI 120  
MVIEGKAAQ RHETILTSNLN EKKARLKEEA AMKAKTE 157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 131:

65

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 131:

20

GIITLSLLMI IHPQMEEFIR QPLQFRLKTG AHRTQGTIKE DQEPRFFLSK NWP

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 132:

25

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 132:

45

LFILRWRSL S VSHFSFVLKQ EPTGPKE LLR RTRNLGFFFQ KIGPSPINEG KN

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 133:

50

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

65

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 133:

5 KKKPRFLVLL NSSLGPVGSC FKTKLKWLTQ KLLHLMNNH Q

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 134:

- 10 (A) LÄNGE: 107 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 134:

ADPAFSTDLF QGCTDMAAAAF RKAAKSRQRE HRERSSDYRK KQEYLKALRK KALEKNPDEF 60  
30 YYKMTRVKLQ GGVHIIKETK EEVTPEQQLKL MRTSGRQIYR KGRGCRS 107

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 135:

- 35 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 135:

RIRRSPLIFS KAVQTWRRLF GRRLSPGSGN TESEAVTTVK NKNTSKLFGR RLLKKIQMNS 60  
55 TTK 63

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 136:

- 60 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 136:

LFWGYFFLSL LNNMYSSTLEF NPSHFVVEFI WIFFKSLLPK SFEVFLFFTVA TASLSVFPL60  
PGLSRLPKSR RHVCTALEKI SGERRIR 87

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 137:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 137:

EANNYMSCQG GSRFHFSIL PQYPGINAAT GGQSLFVLLP TPSLFCLFNS VKLFCLGPQK60  
EPKENLSGQV HFWNAENILK ARFLEYSQLA FFPLI 95

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 138:

45

(A) LÄNGE: 77 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 138:

65

DE 198 18 620 A 1

NSSASSPQFW PNSRLAVFTW YPGVGLLTLI SMMFSKMKLD KVDHQLHRVF CKSTIVSKWPR60  
DLRKIQIFCL PWSCFKS 77

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 139:

- 10 (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 139:

DLKQDQGKQK ICIFLKSLGH LLTILLQKTR CSWWSTLSSF ILENIIIEIKV SNPTPGYQVK 60  
TASLLLQNC GLLAELFYGL QSKWSYLTHH MTKVLNLVRG KVNLIQFWIQ EIIIIVNFPFK120  
SMERMLVENI LKI 133

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 140:

- 40 (A) LÄNGE: 142 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 140:

RADQRQGKTT QKQELKTSDR HQGQLNEDKL KGKLRSLENQ LYTCTQKYSP WGMKKVLLEM 60  
EDQKNSYEQK AKESLQKVLE EKMNAEQQLQ STQRSIALAE QKCEEWRSQY EALKEDWRTL120  
GTQHRELESQ LHVLQSKLQG SR 142

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 141:

- 65 (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 141:

VPAICSPÄVW TEARGVGSPA PCAGSQGSSS PPSEPHTGSS TLHTSALPGP GIAVCSVVAA 60  
LHSFSPPALS AVTPWPSAHS CFSGLPSPVV LFSFPKGsis GYRCIAGFLR ISVSPSVCLH120

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 142:

20

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 142:

40

SCRPWVPKLQ RSLSPLIKAIN LGLKFLGAHF PKIEGPGFIC KSLLSAPLQF GLKHVELALQ60  
LPVLGPKGPP VLLQSLILAP PLFTLLLCCQG QGSCLCAL 97

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 143:

45

- (A) LÄNGE: 783 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 143:

65

# DE 198 18 620 A 1

FLLQPSAFHL YEPPLDYTMT WRMGPRFTML LAMKLVCGSE PPHIATIERS HGGRAVPHVS 60  
PDSSRPARFL RHTGRSRGIE RSTLEEPNLQ PLQRRRSVP' LRLARPIEPP ARSDINGAAV120  
RPEQRPAARG SPREMIRDEG SSARSRMLRF PSGSSSPNIL ASFAGKNRVW VISAPHASEG180  
5 YYRLMMSLLK DDVYCELAER HIQQIVLFHQ AGEEGGKVRR ITSEGQILEQ PLDPSLIPKL240  
MSFLKLEKGK FGMVLLKKTL QVEERYPYPV RLEAMYEVID QGPPIRRIEKI RQKGFVQKCK300  
ASGVEGVVA EGNDGGGGAG RPSLGSEKKK EDPRRAQVPP TRESRVKVLR KLAATAPALP360  
QPSPSTPRATT LPPAPATTVT RSTSRAVTVA ARPMTTTAFTP TTQRPWTPSP SHRPPTTTEV420  
10 ITARRPSVSE NLYPPSRKDQ HRERPOTTRR PSKATSLESF TNAPPTTISE PSTRAAGPGR480  
FRDNRMDRRE HGHRDPNVVP GPPKPAKEKP PKKKAQDKIL SNEYEEKYDL SRPTASQLED540  
ELQVGNVPLK KAKESKHEK LEKPEKEKKK KMKNENADKL LKSEKQMKKS EKKSKQEKEK600  
SKKKKGKTE QDGYQKPTNK HFTQSPKKSV ADLLGSFEGK RRLLLITAPK AENNMYVQQR660  
DEYLESFCKM ATRKISVITI FGPVNNSTMK IDHFQLDNEK PMRVVDDDEL VDQRLISELR720  
15 KEYGMTYNDF FMVLTVDLDR VKQYYEVPI MKSVFDLIDT FQSRIKDMEN QKRGVFFEGG780  
KTP 783

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 144:

- 20 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
25 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 144:

40 KMVVGVWVFL RWERMCENLF QGNQFAAEVR MCSCIDLQTP RRWVHTACLG VPRDSRPPTY60  
LSEARAAGHG PSAKPVCDAL GALVQEA 87

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 145:

- 45 (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
50 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 145:

65 SFSSLGVRNT LFITFKFALY FFSSMLVLWT FGDVSVRAGE RGVRPPSHRW SWPPPSSL60  
PDHRFPICPS ENLSQGELKF TGQGTSFIYF IMLANRT 97

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 146:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

:

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 146:

ASCTKAPRAS HTGLAEGPWP AARASDKYVG GLESLGTPKH AVCTHLLGVC RSIQEHLTS 60  
AANPFPWKRF SHILSHLKKT HTPTTIF 87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 147:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 147:

NSDKCFSLA FITTPETERW RCCASEPRLL ALKHQGHRTQ AWQRQHGQRH ELQTSMLEV 60  
NPLAPPSMQC APTFWVSADR YRNLSLPLQR THFGPKDFHT SSPTSKKPTH PQPFFEKAPR 119

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 148:

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 148:

STKGIAHRLG RGAMASGTSF RQVCWRSRIP WHPQACSVHP PSGCLQIDTG THPYLCSEPI60  
10 SLEKIFTHPL PPQKNPHTHN HFLKPHG 87

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 149:

- 15 (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 149:

DPPSHSQLGR CCHRMVFESV GARAHFWLSQ QLGWHLPSA RNSNIMMNARD SVLSKVFPK60  
35 GAGHGCSRL 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 150:

- 40 (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 150:

SAHLGLPKCW DYRREHPCPA PFGWKTLLST LSLAFIMLLF LALGSKCHPS CCDNQKCALA60  
60 PTLSNTIR 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 151:

65

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

15

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 151:

20

HHTQPIFVFL VATGFHHVGQ AGLEPLTSGD PPTLASQSAG ITGVSTRALP LLDGRLY 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 152:

25

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 152:

45

SAGIPKLAPK IPLPFS DLLK CYLISGAFPD HTLKTSTPTH GPCPPSRLHF LAYTYQM 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 153:

50

- (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 153:

LKTLLTVASI RVSTFYSSDP TSFNLLLLIY GG

32

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 154:

- 15 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

28 (vi) HERKUNFT:

- 32 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 154:

TKRAVMKSMH LCAIRAFLVP HSELIDSDYI HF

32

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 155:

- 45 (A) LÄNGE: 31 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

58 (vi) HERKUNFT:

- 62 (A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 155:

GRVRAVKGRH SDRSHSQQCF QSVNTDEVPT T

31

68 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 156:

- 73 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

75

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 156:

VQNVMSACNF IFIKAKLIYM EYCSIYYAPI YILSPVVRYF ISLLNIFYT YL

52

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 157:

(A) LÄNGE: 59 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 157:

TGTCFCFFICC IENSHTQFSI LCQCSHHGWT LGRNSPQPFL VSFSQFFSVS RWAPVINLP

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 158:

(A) LÄNGE: 38 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 158:

LSLCPWPGN FFQWCLLEEV FSSGQFKEIK LGNGEGGR

38

65

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 159:

- 5           (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzel  
             (D) TOPOLOGIE: linear

10           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15           (iii) HYPOTHETISCH: ja

20           (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 159:

GSILDMMQEI SSWSQKFPRG AVFLRNGVYL NNS

33

25           (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 160:

- 30           (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzel  
             (D) TOPOLOGIE: linear

35           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40           (iii) HYPOTHETISCH: ja

45           (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 160:

KKLPGQHGHK LNYYLNLHF LKIQHLLGTF DSRKRFPASY PKCF

44

50           (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 161:

- 55           (A) LÄNGE: 225 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzel  
             (D) TOPOLOGIE: linear

60           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65           (iii) HYPOTHETISCH: ja

65           (vi) HERKUNFT:

# DE 198 18 620 A 1

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 161:

AAGGLGLGVG PRGMWRAGSM SAELEVGCAL RAVNERVQQA VARRPRDLPA IQPRLVAVSK 60  
TKPADMVIEA YGHGQRTFGE NYQELLEKA SNPKILSLCP EIKWHFIGHL QKQNVNKLMA120  
VPNLFMLETV DSVKLADKVN SSWQRKGSPE RLKVMVQINT SGEESKHGLP PSETIAIVEH180  
INAKCPNLEF VGLMTIGSFG HDLSQGPNPD FQLLLSLPEE TVVKS 225

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 162:

- (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

### (iii) HYPOTHETISCH: ja

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 162:

CRGPAGRRRS PGDVESWQHV GRAGSRVRIA GGERARAAGC GAAAAGSPSH PAPASGGQQN60  
99 QTCRHGDRGL WTWAAHFWRE LRGSTARKSI KSQNSVFVS

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 163:

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

### (iii) HYPOTHETISCH: ja

### (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

### (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 163:

LRSCPCKLPMV ISPTNSRLGH LAFMCSTMAM VSEGGRPCLL SSPLVLIWTI TFNLSGEPFL 60  
60 CQELFTLSAN FTESTVSSMK RLGTAINLLT FCFCRWPMLC HLISGHKDRI LGFDAFSSSS120

### (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 164:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren

DE 198 18 620 A 1

- (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 164:

20 TSTGPSSPLV ASAATELAAF AAAFSSACMR PEGSASLFWN RLPLLMFGDL QGCEAREGIA60  
MRILOASFSG LSSKG 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 165:

- (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 165:

45 NTHGDALTCL TPLQVPKHEE GKAIPKQRGR TFRHTCRAK GSGKSCQFSC SRGYQGAGGT 60  
SAGLALYLHT RTAASRGTSQ SPVGSVAPQQ 90

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 166:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 166:

SHPFEDSPEK EACKIRMAMP SRASHPCRSP NMRRGRRFQN REAEPGRIH AELKAAAKAA60  
SSVAAEATRG LEGPVLV 77

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 167:

- (A) LÄNGE: 347 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

20

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 167:

TAFPLPVVVA AVLWGAAAPTR GLIRATSDHN ASMDFADLPA LFGATLSQEG LQGFLVEAHP 60  
DNACSPIAPP PPAPVNNGSVF IALLRRFDCN FDLKVINAQK AGYGAAVVHN VNSNELLNMV120  
WNSEEIQQQI WIPSVFIGER SSEYLRALFV YEKGARVLLV PDNTFPLGYY LIPFTGIVGL180  
LVLAGMAGVMI ARCIQHRKRL QRNLITKEQL KQIPTHDYQK GDQYDVCAIC LDEYEDGDKL240  
RVLPCAAYAH SRCVDPWLTQ TRKTCPICKQ PVHRGPDED QEEETQGQEE GDEGEPRDHP300  
ASERTPLLGS SPTLPTSFSGS LAPAPLVFPG PSTDPPPLSPP SSPVILV 347

30

35

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 168:

- (A) LÄNGE: 588 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

## (iii) HYPOTHETISCH: ja

50

## (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 168:

QVTNMSDKSE LKAELERKKQ RLAQIREEKK RKEEERKKKE TDQKKEAVAP VQEESDLEKK 60  
RREAEALLQS MGLTPESPIV PPPMSPSSKS VSTPSEAGSQ DSGDGAVGSR RGPIKLGMAK120  
ITQVDFPPRE IVTYTKETQT PVMAQPKEDE EEDDDVVAPK PPIEPEEEKT LKKDEENDSK180  
APPHELTEEE KQQILHSEEF LSIFFDHSTRI VERALSEQIN IFFDYSGRDL EDKEGEIQAG240  
AKLSLNQRQFF DERWSKHRVV SCLDWSSQYP ELLVASYNNN EDAPHEPDGV ALVWNMKYKK300  
TTPEYVFHCQ SAVMSATFAK FHPNLVVGTT YSGQIVLWDN RSNKRTPVQR TPLSAAAHTH360  
PVYCVNVVGT QNAHNLISIS TDGKICSWL DMLSHPQDSM ELVHKQSKAV AVTSMSPFVG420

60

65

DE 198 18 620 A 1

DVNNFVVGSE EGSVYTACRH GSKAGISEMF EGHQGFIIGI HCHA AVGAVD FSHLFVTSSF480  
DWTVKLWTTK NNKPLYSFED NADYVYDVMW SPTHPALFAC VDGMGRLDLW NLNNNDTEVPT54C  
ASISVEGNPA LNRVRWTHSG RGGCGGILK DKFCYFAMLG GAVCWSPQ 588

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 169:

- 10 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 169:

FHVEQLSHSF LSWRKDTIQR GSKDFVKRGI HNLLWSKCPH L 41

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 170:

- 35 (A) LÄNGE: 55 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 170:

CPRDVGTCSI VNYGCHVLQN PYCPFELCPS SKIRSYDSIV QHGIIMKSLS SSIFP 55

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 171:

- 60 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 171:

KAFLVLSFPK WALFLVIHMT LFGCGCLLNF LFWTSFSKPK PARDRKGNGN

50

10

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 172:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

25

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 172:

CTFNIESFIY LIVYRTFHNY THLLHNILTS IFKFFCTSSF SFNLVKPVIH TNVYCELSSEG60

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 173:

35

- (A) LÄNGE: 67 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

- (iii) HYPOTHETISCH: ja

50

- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 173:

55

EESFVFLIHS FVNRYKGTVN LTYTKKKKIL VYPLMLIHRV LSYNVIQLGS LTFFFKNIFI60  
ERGITLS 67

- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 174:

60

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren

65

DE 198 18 620 A 1

- 5                   (B) TYP: Protein  
                 (C) STRANG: einzel  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

10               (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15               (iii) HYPOTHETISCH: ja

15               (vi) HERKUNFT:

- 15                   (A) ORGANISMUS: MENSCH

20               (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 174:

20               LYHIIRKHSV DQHKWVHKNF FFLGVCKHIC SFISVYKTVN QKDKTFFLVE VIFFLN      56

25               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 175:

- 25                   (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
                 (B) TYP: Protein  
                 (C) STRANG: einzel  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

30               (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35               (iii) HYPOTHETISCH: ja

40               (vi) HERKUNFT:

- 40                   (A) ORGANISMUS: MENSCH

45               (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 175:

45               IHWSWPSYRL GPRSHRPGIQ TQRGQSIKVA VGSSNHCFYS RSLLKIIIVYL LSITLGK      57

50               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 176:

- 50                   (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren  
                 (B) TYP: Protein  
                 (C) STRANG: einzel  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

55               (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60               (iii) HYPOTHETISCH: ja

65               (vi) HERKUNFT:

- 65                   (A) ORGANISMUS: MENSCH

# DE 198 18 620 A 1

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 176:

GEFTGVGPAT GWVPGHTARG FRLKGASPSR WQWGLQTTVS IPEAYLKSLY ICFP 54

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 177:

- (A) LÄNGE: 45 Aminosäuren 10
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 15

(iii) HYPOTHETISCH: ja 20

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 25

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 177:

VNSLELAQLP VGSQVTPPGD SDSKGPVHQG GSGVFKPLFL FQKPT 45 30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 178:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren 35
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 40

(iii) HYPOTHETISCH: ja 45

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 50

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 178:

YLKLVPMLGG QLFSMVLIRR SFFILSFKEI KVEIEYGWHV VPV 43 55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 179:

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren 60
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF 65

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 179:

GSILDMMQEM CYGGQKFPRG PVFLRNGIYL NNI

33

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 180:

- 25 (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 180:

TGTTCHPYSI STFISLNDKM KKLLLISTIE KSCPPNMGTS FKYYLNKFHF LKIQDLLGTF60  
DPRNTFPASY PKCF 74

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 181:

- 55 (A) LÄNGE: 289 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 181:

SRRTQGAAST RFPQPDTIGQ DFSASAQRGG LVAHSDLDER AIEALKEFNE DGALAVLQQF 60  
KDSDLSHVQN KSAFLCGVMK TYRQREKQGT KVADSSKGPD EAKIKALLER TGYTLDVTG120

65

DE 198 18 620 A 1

QRKYGGPPPD SVYSGQQPSV GTEIFVGKIP RDLFEDELVP LFFKAGPIWD LP~~LMM~~PLTC<sup>140</sup>  
LNRGYAFVTF CTKEAAQEAV KLYNNHEIRS GKHIGVCISV ANNPLFVGSI PKSKTKEQIL<sup>240</sup>  
EEFSKVTEGL TDVILYHQPD DKKKNRGFCF LEYEDHKTAQARRRLIEW 289

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 182:

- (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 182:

KLCTEWLKVG GIWRWMRGSC LGRLCFTWIR VGLREEIGV

39

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 183:

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 183:

EAVMTLILIL HTYFLTQPYNS NPSEAKPSQT APSHPSPYPP NL

42

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 184:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 184:

PSFSFYTPIS SRNPTLIQVK QSLPRQLPLI HLHIPPTFNH SVHNFYSLHT SYLLIFLTNK60

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 185:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 185:

QQHHLQPQLG FLNKKEIVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60  
SILSFPIRMD TFCSACHFCN ASCREFGHSI KEKIQ 95

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 186:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 186:

HAEQNVSILM GKLRLAWYR NWKCGTDEAT NFKERTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTI60  
SFLLRNPND 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 187:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 187:

20

GTKSRYVMLW DLLPEDDIRQ LIGKESALLQ EQANHKWVVS GGRPVGFAG YCYLGAHSKC60  
SGWWDSPKGFRHLTNS

77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 188:

25

- (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

40

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 188:

45

RSRFHMMMLTL RALQLSLPTK IGGACFRVSR LSPTEKKKKK MSLEEA

46

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 189:

50

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 189:

ITFSHDAHAQ GASIIIPPHKD RWRVFQGLSS LSYRKEKEKN VIRRGVTRQS VPRFVFPGVA60  
ERDQF 65

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 190:

- 15 (A) LÄNGE: 66 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 190:

ECREAGPLFL QSRLELISFG HSRKHKGDG LTCYASSNDI FFFFFSVGER RETLKHAPPI60  
FVGRDN 66

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 191:

- 40 (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 191:

RQTEGETEML RKPSYTLPR NTSLRECKKY YWRWKSRTA MGRRPRGD

48

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 192:

- 65 (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 5
- (iii) HYPOTHETISCH: ja
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 10
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 192:  
RAETRSQGQL NEDKLKGKLR CLESPAIQLY PEILPLGNVK STTGDGRAEK QLWAEGQGVI 15
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 193:  
(A) LÄNGE: 44 Aminosäuren 20  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear 25
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 25
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 30
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 35
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 193:  
SCIAGLSKHL SFPFSLSSLS CPWLRVSALQ LLPLRAFPPA SDLL 44 40
- (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 194:  
(A) LÄNGE: 98 Aminosäuren 45  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear 50
- (ii) MOLEKÜLTYP: ORF 50
- (iii) HYPOTHETISCH: ja 55
- (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH 60
- (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 194:  
65

DE 198 18 620 A 1

EIMNGLVLDN IWPHKLLTSV LGESHEVNHT SEIYMMMLNGE QRPSCCKRCI KYLCCFCMRLCO  
RSFSHLSPLF PIRISREAKL FCGFGNGHFP GKCIWIDD 98

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 195:

- 10 (A) LÄNGE: 115 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 195:

AHSSTKAKSK SEFLPILPLC NTLRSSHNCP TPHLPVSCCT KSPSLSSFRY IVRQGRRALR 60  
RRAFEALSTL PASVKMRLHY SPEKRARESH RSRCIFPGND HSQTHRTVWL LWISL 115

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 196:

- 40 (A) LÄNGE: 128 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 196:

SGVKRISCVL ETKAYCHCFK KSLCEMKKNM TNTGSHTTYT IQRNLHTCTH TGRYRHTVPP 60  
KRSPNQSSYR FYHSVILSEV PTTAQHLYP FPAAQSLHS HLFDTSSGRA EGHYAAEHSR120  
LSAHCQPA 128

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 197:

- 65 (A) LÄNGE: 46 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 197:

FSYFSTPLSL YNYAILLDAG PLNAEMICFL GFFFFKKYFH WFSVTL

46

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 198:

(A) LÄNGE: 55 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 198:

YLSLCPCWPG NFFQWCLLEE VFSSCHFKKI KLEIEYGWHD CTLLVLLFFY SSVPL

55

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 199:

(A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 199:

RGPGLLKPNN GGPPMKGYR RNLDISPRLP LNRETVKRSI RFHRFWPLIP NSFPHNSVFL60  
VSMKCLESRR KPVKIFLKKK KPQKTDHLSI QWTSI

95

65

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 200:

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 200:

RPGVEPPLLR RLPDSETQKR VQGWGEMWSE GRFAFEKGSS RTHWDIVTHL NHLLIERCWP60  
PNNGRSGPGP RA 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 201:

- (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 201:

GPSPYARGPG PDPLLLGGQH LSIIRWFKCV TMSQCVLELP FSNANLPSLH ISPHPWTRFC60  
VSESGNLKRGGSTPGL 77

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 202:

- (A) LÄNGE: 60 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 202:

EANTFLSEDG SNVLQCPSEVF SNFLSQMQTF PHSTSLPIPG PVSVSLSQAT FSKEGVPLPA60

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 203:

(A) LÄNGE: 84 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 203:

PTTTLVIPLF FLSSRKKKQK DSFQTALCSL HCSFPKQAAS TGKAHVVT PY FSEVLLFHGV60  
TLLSESKPRK QVLPLADKNH TSFL 84

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 204:

(A) LÄNGE: 128 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 204:

CDRVPLFLSY WCAVADSWLT ASSVSHVKGI LSPQPTECAP PGPANCFNF FFFFFFLVET 60  
GSPSVAQDGL ELLGSSNPPT LASQSAEITG MSHYAQPEQD DLNLINSTPK QQLSLSQGCQ120  
128 GGLCEGKD

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 205:

65

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 205:

WVAGRRHLLS VQTKSLQVLG LDLCVTPESQ CIRYLYKKLV WFLSAKGKTC FLNLLSDNKV60  
 TPWKRTSEK YGVTTWAFPV LAACFGKLOC RLQRAV 96

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 206:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

#### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 206:

PDFRGFAGPA MFSRGFQVGR GERQGENAPC RGVQRSPASC PAVGWTSDL

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 207:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 207:

QISGVLRAPR CFPEVFKWEE ESDKVKMPRA GASSGVLPBV RRWGGRLIYE GAHPPI 56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 68:

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

15

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 208:

CCSCQSSQVR YSDRWMGTFI NQTSTPPPDS WQDSAGRPGT GHFHLVALLF PLENLWKTSR60 30  
GPQNPGNL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 209:

- (A) LÄNGE: 164 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 209:

WGGRTLASAV SIPLRKCHSH RPTVLARKQP QSGVPPPYTA IASPDASGIP VINCRVCQSL 60  
INLDGKLHQH VVKCTVCNEA TPIKNPPTGK KYVRCPNCNL LICKDTSRRI GCPRPNCRR120  
INLGPMVLIS EGTTSSACIA QSQPEGYKGR VLGHGWGTHS LWDG 164

55

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 210:

- (A) LÄNGE: 218 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

DE 198 18 620 A 1

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 210:

25 SSAVPDGAVG RPVAVAVGGP PHSCRCPCC LMAAIGVHLG CTSACVAVYK DGRAGVVAND 60  
AGDRVTPAVV AYSENEEIVG LAAKQSRIRN ISNTVMKVQ ILGRSSSDPQ AQKYIAESKC120  
LVIEKNGKLR YEIDTGEETK FVNPEDVARL IFSKMKETAH SVLGSDANDV VITVPFDGE180  
KQKNALGEAA RAAGFNVRL IHEPSAALLA YGVQDSP 218

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 211:

35 (A) LÄNGE: 186 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 211:

RKWLTSMSQ KRMLKRPDNK LKYVTKWQRT AKQITHPFSR NSTMSSMNIT ILTSPTSSRK 60  
YKRAEERRIV PMGESMKTYA EVDRQVIPII GKCLDGIVKA AESIDQKNDS QLVIEAYKSG120  
FEPPGDIEFE DYTQPMKRTV SDNSLSNSRG EGKPDLKFGG KSKGKLWPFI KKNKLMSLT180  
GGPFSF 186

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 212:

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

60 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 212:

5

ISGRRVSLNF VSEFSITEFC PCWCLGYRPD GPGSFPCSG LEVSPLHFLK ACVQCSPKSI 60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 213:

10

- (A) LÄNGE: 68 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 213:

30

DLCSTLSATK GSITCFLNKA LVSPPASSGL HYSETNSTSF AGGITVPISR LGPALQTSEFG 60  
LLVLLTLL 68

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 214:

35

- (A) LÄNGE: 54 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 214:

55

TISFFKSKRG LKQEGTGTSS QMDLGEHCTQ ALRKCKGLTS RPEQDGKLPG PSGL

54

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 215:

60

- (A) LÄNGE: 276 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 215:

LPTAFLLSSV FWIFMTWFIL FFPDLAGAPP YFSFIFSIVA FLYFFYKTWA TDPGFTKASE 60  
EKKVNIITL AETGSLDFRT FCFSCLIRKP LRSIHCHVCN CCVARYDQHC LWTGRCIGFG120  
NNHYYIFFLF FLSMVCVGII YGSFIYLSSH CATTFKEDGL WTYLNQIVAC SPWVLYILML180  
ATFHFSWSTF LLLNQLFQIA FLGLTSHERI SLQKQSKHMK QTLSLRKTPY NLGFMQNLD240  
FQCGCFGGLV KPCVVWDWTSQ YTMVFHPARE KVLSRV 276

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 216:

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 216:

SPSRSPVVFA GEFLKHPFV EESLMSFFHP DLHLMNPKAI STQFLYSVF

49

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 217:

- (A) LÄNGE: 37 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 217:

KEINNYIRKE KNFKYLQPST PNHPQDRWVQ KNAPWFY

37

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 218:

- (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 218:

25

KFSSKDDRTS RRRSIIISER KKILSIYNPL LLITPKIGGS RKMHLGFTEE RS

52

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 219:

30

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 219:

50

DKRNGIISKK LSPEKTTLKS ILKRKGTSI SDESDDIEIS SKSRVRKRAS SLRFKRIKET 60  
KKELHNSPKT MNKTNQVYAA NEDHNSQFID DYSSSDESLS VSHFSFSKQS HRPRTIRDRT120  
SFSSKLPSHN KKNSTFIPRK PMKCSNEESC 150

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 220:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 220:

16 NKNWNSKLGK EISKATQSLD PAQLADPCHS LAVAASLCSL KGEPGQCFPS PWAWSLHSGK60  
QTSGPFPKSQ ECLAAWWVLI AMF 83

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 221:

21 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 221:

41 NSKLVDCRME TWLLRHWSF SLCVSCWGVV MIVSALTHCT RWQQDTALHK MAAPLQLPPQ60  
PPSLHPHRFG LWFLSSVTYC LRS 83

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 222:

46 (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

50 (C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 222:

66 CLHNREPDI F RILSSYYGI LRPRSYLQTK WPWSLQNIAM STHQAARHSW DLGKGPLVCF60  
PLCSDQAQGL GKHWPSPFS EHREAATARE 90

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 223:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 223:

QSLRHCWLNI SLQRDGAFKE PGAGPVSSKA LDVFLVRTRR GCQMPPLKPSG LVWPRAAGQG 60  
RAEKWSSSQL ALPSPTQPRP RWSDLTSILTS ASPKVQMSKC LVVQSQEMGS YLKS 114

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 224:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 224:

GCVGGGRAEA MAEKFDHLEE HLEKFVENIR QLGITIVSDFQ PSSQAGLNQK LNFIIVTGLQD 60  
IDKCRQQLHD ITVPLEVFY IDQGRNPOLY TKECLERALA KNEQVKKGKD TMKKFKSLLI120  
QELSKVFPED MAKYRSIRGE DHPPS 145

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 225:

55

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

DE 198 18 620 A 1

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 225:

GQTMRTEGLR GVSRAQSHLS RKVASALAVP ASRRIAVPGD LHTGRVSWLR RRVILPPDAS60  
ILSHVFRKYF RKFLNQQAFK FLHGVDLAFN LLIFS 95

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 226:

20 (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 226:

ALRPPLYALG QQVGAVTGPA DCSATAPLDF WIFWKQSQNS GLLGGWQRCM VRGPPFISLF60  
SIRWQSTGHP WWVSGPRPMP TLPFESR 87

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 227:

50 (A) LÄNGE: 79 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 227:

APALATQPPL SLPRGTGPAY LNSLTLMLQT WLDSKLSS NVLLPHFHFL HICLLLYWFL60  
LLNLYFHSWV LCLPPFFSA 79

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 228.

- (A) LÄNGE: 87 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 228:

RSMSVEASEFV CLGTTGRCCH WSCRLFSNSP FGFLDILETK SEQWPTGGLA EGYGKRTSFH60  
LPVQHPMAVH RSSLVGVRPK THAHLTL

87

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 229:

- (A) LÄNGE: 150 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 229:

ATLSRFFGRI FNRLRLTQVFP FLFSSPNDKK SFCSIEGEWN GVMYAKYATG ENTVFVDTKK 60  
LPIIKKKVRK LEDQNEYESR SLWKDVTFNL KIRDIDAATE AKHRLEERQR AEARERKEKE120  
IQWETRLFHE DGECWVYDEP LLKRLGAAKH

150

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 230:

55

- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

DE 198 18 620 A 1

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 230:

KFYRHTPLLI CLHIGLWLLS FYNGRVQSSH QRWSGLQTLT YLLPCLSQKK L

51

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 231:

- 20 (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 231:

SFTGTHPCSF VYILAYGCFP FTTVECSHHT RDGLACKPLP IYYLACHRKS YRPRSKTTK60  
PFVKTLKRAK NLPTV 75

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 232:

- 45 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 232:

SAVITPEMVW PANPYLF TTL PVTEKVIDLG LKLKQNPLL R

41

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 233:

- (A) LÄNGE: 206 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 233:

DSLRRGLGIC LWEFIHLSLL FTSPKPGFPL LKPAVISQLE GGSELGGSSP LAAGTGLQGS 60  
QTDIQT'DNDL TKEMYEGKEN VSFELQRDFS QETDFSEASL LEKQQEVHSA GNIKKEKSNT120  
IDGTVKDETS PVEECFFSQS SNSYQCHTIT GEQPSGCTGL GKSISFDTKL VKHEIINSEE180  
RPFKCEELVE PFRCDSQLIQ PSREQH 206

25

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 234:

30

- (A) LÄNGE: 49 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 234:

50

SPSRSPVVFA GEFLFKHPEV EESLMSVFHP DLQLMNPKG STKFYRSVF

49

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 235:

55

- (A) LÄNGE: 33 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 235:

KEINNYTRKE KNFKYLOPST PITPQILGPK KFH

33.

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 236:

- 20 (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 236:

KFSSKDDRTS RRRSIIIPER KKILSIYNPL PLSPPKYWAQ KNST

44

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 237:

- 50 (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 237:

RIRRSALIFS KGVQRWRVRF GRRVSPGSGN TESEASDYRK KQGTSKVFGGR RVLKKIQ

57

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 238:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 44 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 238:

20

GTLFFTVVTG FALCVPAAGT YPPSENPPPS LYTLGKDQCR TPDP

44

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 239:

25

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 239:

45

NLYPTLEFNP SHFVVELTGF FSTPFRTPL RYLVFYGSHW LRSLCSRCRD LPAFRKPAAI 60  
SVHPWKRSVQ NAGS 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 240:

50

- (A) LÄNGE: 42 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

65

DE 198 18 620 A 1

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 240:

GAGEPLNQPE TRWSHVQQLS WCGGTEVDQH WSLQPPGSLW CN

42

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 241:

- 15 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 241:

30 STGNTCQFSC TTGYQGAEGT SAGLPLYLHT RTAASRGTTG SPVGSVAPQH

50

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 242:

- 40 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 242:

55 APATPASSVA PQATRGLKGP VLVYLCTSTP GQLLHVGGPG LRLVQWLPST

50

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 243:

- 65 (A) LÄNGE: 183 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

# DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 243:

10

AAAVAFGAKGT SPAEARSSRG IEEAGPRAHG RAGREPERRR SRQQRRGGGLQ ARRSTLLKTC 60  
ARARATAPGA MKMVAPWTRF YSNNSCCLCCH VRTGTILLGV WYLIINAVVL LILSALADP120  
DQYNFSSSEL GGDfefMDDA NMClAIAISL LMILICAMAT YGAYKQRAAG SSHSSVTRSL180  
TLP 183

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 244:

20

- (A) LÄNGE: 157 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 244:

40

CQHVHCHCDF SSHDPDMCYG YLRSVQATRS WIIPFFCYQI FDFALNMLVA ITVLIYPNSI 60  
QEYIRQLPPN FPYRDDMSV NPTCLVLIIL LFISIILTFK GYLISCVWNC YRYINGRNSS120  
DVLVYVT SND TTVLLPYDD ATVN GAAKEP PPPYVSA 157

157

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 245:

45

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

65

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 245:

5 GKGIQDMRGP CPMGSPALQH TGSPSASIGL GKGQLCLCAV V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 246:

- 10 (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 246:

30 TNASTGTTCV LQSRGPHGTG SPHVLDPLS

29

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 247:

- 35 (A) LÄNGE: 32 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 247:

PLPRPMLALG LPVCCRAGDP MGQGPLMSWI PF

32

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 248:

- 60 (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 248:

10

GKGIQGMRGP CAMGSPAVQQ KGSPSASIGL GKGQLCLCAI V

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 249:

15

- (A) LÄNGE: 25 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

30

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 249:

35

HWDYLFVEQQ GTPWHRVPSS PGSPE

25

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 250:

40

- (A) LÄNGE: 29 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

55

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 250:

TNASTGTTFL LNSRGPHGTG SPHPLDPLS

29

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 251:

65

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 251:

ATKTVPRQRW SPPHCPRPNP SLNLLRCGNG NRGKTEAPDA FSLLCSSAID CPDVQRETHT60  
RFAHENWGAD GQADRLCLFS E 81

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 252:

- (A) LÄNGE: 97 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 252:

GVGDGETEAKL RHLMSACCA AVPLTALMFR EKRTQGLPMR IGEQMAKQIG YVCFLSDEVR60  
KPCGGSGGHLW FILFPYPWLL EMVTFRTVQL HLSEHYC 97

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 253:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 253:

LEILGIFSRV SKLSSPTDT HPSSQIGVAI LGGRVVYGT P GCLHISQNYP RTIVPKSRVF 60  
TGRQNLFSMP VPQLLSQIPI LGSHQLPIPH QTATVPSLSP YCSFKSCSQE RNCH 114

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 254:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 254:

IPSPQGPFCR SYSDPRKCPF PIVVLCLWGL VYPRGNCGEI IGLRVKRALV LEL

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 255:

- (A) LÄNGE: 35 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 255:

QVDTLISTRK GLKLQNQCSL DSQTNDFSTV TPGID

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 256:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

DE 198 18 620 A 1

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 256:

25 TKPQRHRTTM GKGHFLGSEY DLQNGPCGLG IYPYAVPWSN A

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 257:

25 (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 257:

PIVNYGCHVL QNPYCPFEVC PSSKIRSYDS TAQHGTLKT LSSSTFP

47

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 258:

45 (A) LÄNGE: 34 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 258:

IMDATFYKIL TAPLKCVLPP RSEAMTQLLN MELS

34

65

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 259:

- (A) LÄNGE: 43 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 259:

KPSLVLPPFPK WALLPVTHMT LFGCGCLLNS LFWTSFTKPK PAR

43

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 260:

- (A) LÄNGE: 205 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 260:

GSVKVPASPR PGGTSLLGKV AAKELSFSPR NGRRGQLPRP PGSLTLLLFF SSPASRGPA 60  
LSPGGIRLLL PPPPHLLPGQ PACPAAVMCD KEFMWALKNG DLDEVKDYVA KGEDVNRTLE120  
GGRKPLHYAA DCGQLEILEF LLLKGADINA PDKHHITPLL SAVYEGHVSC VKLLLSKGAD180  
KTVKGPDGTLT AFEATDNQAI KALLQ 205

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 261:

55

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

65

DE 198 18 620 A 1

- 5 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 261:

TMLVAITVLI YPNFIQEYIR QTAPNFPYRD DVMSVNLPVW ALLFFCLLAL ILTFKG 56

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 262:

- 15 (A) LÄNGE: 38 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 25 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 262:

LCPEQCWLQS LCLFIQTSFR NTYGKLLLIF PTEMMSCQ 38

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 263:

- 40 (A) LÄNGE: 52 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

- 50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 263:

HDIISVGKIR SSLPYVFLNE VWINKHSDCN QHCSGQSQRS ANRRMADPAA RC 52

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 264:

- (A) LÄNGE: 180 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

DE 198 18 620 A 1

- (C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 264:

RNMSSFSRAP QQWATFARIW YLLDGKMQPP GKLAAMASIR LQGLHKPVYH ALSDCGDHVV 60  
IMNTRHIAFS GNKWEQKVYS SHTGYPGGFR QVTAAQLHLR DPVAIVKLAI YGMLPKNLHR120  
RTMMERLHLF PDEYIPEPDL KNLVEELPQP RKIPKRLDEY TQEEIDAFPR IWTPPEDYRL180

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 265:

- (A) LÄNGE: 78 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 265:

VIGYPSRINS EPSPVIYNRP GNNVKLNCMA MGISKADITW ELTDKSHLKA GVQARLYGNR60  
FLQPQCSMTH SACHKEGW 78

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 266:

- (A) LÄNGE: 40 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

65

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 266:

ATPLCGMLNG SLIPGVEEIC FHTDEPEPLP SDATYPLTPT

40

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 267:

- 10 (A) LÄNGE: 136 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 267:

30 VGIWQEDHLP QSLGFLNKKE IVFLSWLLRL LKLALPLKYD ISFAVNLKL VASSVAHFQF 60  
LYQASLLSFP LRMGQVCSSG HSVRFSRGFG RGFKGKYSGG RMGSGVKVD KGGRAKGGVE120  
GWGPYLDLDRGM PGGQGK 136

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 268:

- 40 (A) LÄNGE: 92 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja  
(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 268:

55 LVYPKQGTKE PGKRSGHVKR DTQDTLRDQS GSTPVLLPEC LCVNPCFLQN KRQQRKLLNQ60  
NTDPMRNGAC FCDPGELSAR LQE LTDGQLL IF 92

55

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 269:

- 60 (A) LÄNGE: 103 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

65

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 269:

NLVYTMWLQI YVN VHFEIY VLKEMLVTK IRFTLKEEEF YSKHSNLFK CFKIQSIVFK 60  
VAVKASTYVK TQKEGSSDKN TAPLLCCFSC SLYTLSKHILL SGA 103

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 270:

(A) LÄNGE: 82 Aminosäuren

20

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 270:

FIYKQSKVRD IFAVTIALS LQSPTSRVQC TSNNSLKTRH LTISVYLVCK VNKKSSIKE60  
LCFYQRSLPS EFLHKLMPSL QL 82

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 271:

(A) LÄNGE: 25 Aminosäuren

45

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 271:

65

DE 198 18 620 A 1

LMCLNLLRRT FYSATDFRDE FALDR

25

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 272:

- 10 (A) LÄNGE: 26 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

- 30 (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 272:

KIVFNFWGNK VNKEGNAGME VIGHYM

26

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 273:

- 45 (A) LÄNGE: 47 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:

- 65 (A) ORGANISMUS: MENSCH

70 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 273:

HVVPYNFHAC ISFLIHLVSP EVKHYFLIPW LVFYLSSANS SLKSVAE

47

75 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 274:

- 80 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

85 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

90 (iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 274:

QQHHLPQSLG FLNKKEVVFL TWLLRLLKLA LPLKYDISFA VLNLKLVASS VPHFQFLYQA60  
SLSFPIRMD MCCSACHVCN ASCREFGHSI KEKIQ 95 10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 275:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 275:

LLHQYHTSSF YTKPV\$SVFP LEWTCAVQRV MSVMLHAESL VIVLKRKYSE VTMSPE 56 35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 276:

- (A) LÄNGE: 69 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 276:

55

HAEQHMSILM GKLRRILAWYR NWKCGTDEAT NEFKERTAKLM SYFKGRANFN NLNNQVKNTT60  
SFLLRNPND 69

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 277:

- (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren

65

DE 198 18 620 A 1

- (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

## (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 277:

20 YILEISPLKP SLAPTSCLGM PQGFPFHFCN PRYPSLSTPS QTPTPGIARE DFGLANCVGY60  
VSVVLI RDHV DCQSAFLTSV TTLRRCNSSQ KKTFS 95

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 278:

- (A) LÄNGE: 133 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 278:

45 PTQFARPKSS RAI PGVGWWD GVDNEGYLGLI QKWGGNPWGI SPQEVGASDG FRGDISNIYQ 60  
PWALSPCCSQ HGPHTSSLRL TWELVRNAGS PRSIELEAVL TRSPVIFMAQ SSFLRDRCRL120  
LSAGMRHPWG RCG 133

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 279:

- (A) LÄNGE: 102 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 279:

LKQHSHNQHN LLGQSLHGQS LGWESGMGWI MKDTWGCRSG VGIPGASVHR RWGPAMASGV 60  
IFPIYISPGH SRPAAHSMVL TPAASALPGS LLEMQDLPDL LS 102

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 280:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

25

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 280:

30

SGVITAEMVW PAKSYLFTIL PVTEQVIDLG LKIKQNSLLR P

41

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 281:

35

- (A) LÄNGE: 57 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

50

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 281:

55

KFQCPLIVLS AHSLAHLFTY CLWLLFFYKG RVESSQQRWS GLQSLIYLLS CLSQNKL 57

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 282:

60

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 282:

FYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKVEWSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPRSKNKTGF60  
FVKTLKRDKK LPTV 74

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 283:

(A) LÄNGE: 86 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 283:

VYSANEGQNF QFIDGYSAAD ESLCVSHFN CKQRHRPRTV RGRTSFSSKL PRHNKENSTF60  
ISRKPMECSN EEVVNQGQSD GSMGKF 86

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 284:

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 284:

DE 198 18 620 A 1

GAEVLFLQNC LGIIRKIALL FQGNRWNVQM RKLLIKGSRM DQWVNFRWRQ GGAYIHSNPD60  
VIWSGQGWK 69

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 285:

- (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

15

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

20

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 285:

25

LTSSFEHSI GFLEIKVLFS LLCLGNFEEK LVLPLTVLGL CLCLQKLKWL THKLSSAAE 59

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 286:

30

- (A) LÄNGE: 65 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 286:

50

GKEPQPESNS IMVKFPTESS CEWVIRKNED PKDKNQRQMG SVTGSLLSIL NPIEYCGLTK60  
CQGGD 65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 287:

55

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 287:

FLSFQSSFFL ITHSQDDSVG NLTMIELLSG WGSFPHRKDI LTKKKYLN

48

15 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 288:

(A) LÄNGE: 32 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

20 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 288:

ARNIQSDLEW MIKIQSQTSPS VFDFCLLDPH FS

32

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 289:

(A) LÄNGE: 24 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

45 (C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50 (iii) HYPOTHETISCH: ja

55 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 289:

LKTLRPLLIS GRIPVISLIR YISE

24

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 290:

DE 198 18 620 A 1

- (A) LÄNGE: 36 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 290:

20

LILSYSEGKK NYSEIYLIRL ITGILPDISN GLRVFN

36

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 291:

25

- (A) LÄNGE: 30 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 291:

45

GFLIKYKLNY LLLGLTIRIP NTQTPQHKAS

30

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 292:

50

- (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

DE 198 18 620 A 1

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 292:

CAKLETGFDF LSYLFACAS PSNLVHLSSH SCYFQVKQDI LGVKSLWVFC FYVYKNGFCV60  
PFPCKYQLIW KLTIIM 76

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 293:

- 15 (A) LÄNGE: 63 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 293:

VELSLLFPQL SQLLVNFKEA GHDDSHLLSQ NFGRRRWADS LSPGVQDEPG QYGPTSSLTK60  
HPH 63

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 294:

- 45 (A) LÄNGE: 73 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

60 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 294:

PPKCLVSLLEN NMNETKDEPD YLVTHRRRTS SSGNQILFQA WHIKGKKGSE RRVRKYHLKP60  
QKIWQKTASK SIR 73

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 295:

- 65 (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren

DE 198 18 620 A 1

- (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 295:

SGVITAEMVW PAKSYLFTTL PVTEQVIDLG LNITQNPLL R PSQDIRSFQL

50

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 296:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 296:

VLSAHLANL FTYCLWLFF YQARAESSQQ RWSGLQSLIY LLPCLSQNKL

50

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 297:

- (A) LÄNGE: 74 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

60

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

65

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 297:

5 CYRHTALLIC LHIVYGCFSF TKLERSHHSR DGLACKVLSI YYLACHRTSY RPGSKHHTKS60  
FVKTLPRHKK LPTA 74

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 298:

- 15 (A) LÄNGE: 132 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

- 35 (A) ORGANISMUS: MENSCH

40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 298:

PLGPASSAFG PSGSKSRSEE GRDGTASPGT FKYHPWSPLS SLREWTSQST SSGLSDLILLC 60  
LYQPWQGSRI HLGVSGPSQY HWGSNKFLEP QSLGPGSQLI GDGVPFQARA EFGTSGHELE120  
GNVSYELGP WP 132

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 299:

- 50 (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

70 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 299:

ESRRGALAGP LSKAGEGRPG WYLNVPGMLS HPFLPHSYSL TLMAKARDAG PKGKNVLSVF60  
SGFYSLVSLH 70

75 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 300:

- 80 (A) LÄNGE: 143 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 300:

GVKAREYRED VFTFRACVSG FGHQGQRVGV RKEGMGQHPW DVQVPSWSPE SSLREWTSQS 60  
TSSGLSDLLL CLYQPWQGSR IHLVGSGPSQ YHWGSNKFLE PQSLGPGSQL IADGVPFKLV120  
PARAEFGTSL KGNSVTYELG PWP 143

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 301:

20

(A) LÄNGE: 69 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

25

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

35

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 301:

40

HVALHNYHHN QDPEQFHYHK TPLCYPFLAT PIPSPVPGPW HPFICYVSLQ VLQLTSPKWN60  
CCLRILFLC 69

45

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 302:

(A) LÄNGE: 51 Aminosäuren

50

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzel

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

60

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 302:

5 PCITTTTTKI QNNSIITRLL CVTPFWPHPS PPLSLAPGTH LSVMYHCRYF N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 303:

- 10 (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:  
25 (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 303:

30 LPPQPRSRTI PLSQDSFVLP LSGHTHPLPC PWPLAPIYLL CITAGTSINI T

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 304:

- 35 (A) LÄNGE: 408 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:  
50 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 304:

55 FANWEFGTE QLQPQLPSPK VWSCRGCRQG PTKFNQVSRM QTPAPVSRRV GLAVSLTPPP 60  
SGQSGPSVMG KAAACPATPA SAPSQGLSFG GPVSCWPGSP LLHLIGGRQL LDLCPGCGRS120  
LPFSSSSSSS VSNDSDAPDP RGLGCFGGVV LGGRGFKYLL YFLFVAATQQ ILLLGRASAF180  
LKRDVGDPNV VAPAFFAVAG HLHQAVALPG VRVRVRDQET MQVSGLGGAL GLGRLSQELR240  
QALHARHPHD VDVVVTAEGL DEREVDLQGD VILLLLVNGQ EAEDHAVWVH IHQLGRLVHP300  
HCEA1LALSG HQKLHHRGGH RLHLLRRVVA RHELFQRHVA IIIHSGCGST AVPREKLQNP360  
60 SQRAQNLPTE LERSKTFGK QRNPSRKGGK IYCKVLGEDN PGSCGNQR 408

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 305:

- 65 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren

DE 198 18 620 A 1

- (B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

5

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 305:

GWGVWQAGLD PVLGPPSSAV PSLLGVVSM VWPHIQLCLS AVPLASSSLN SAAWSPVSSR 60  
ARQGWGGWCW QQLLSWCCLS GLHLRGRNGP GYRGQIHGPW SPRPPGLGAA GGRWLLVGRW120  
PSCLACLPCL SSSPNALSVS AFLAPGLSTP SAYKAVSPQQ TTVWLQPIR 169

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 306:

25

- (A) LÄNGE: 120 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 306:

45

ILQLGHQFPL VPARAGAVGV GSSFSLGATF PASTSEVGGMG QAIEVRFIQA GVLVLRAWGL 60  
LGGAGCWWEGL GHRAWLVFPA SLLLTLCLS LLSSPRASPL PQLIRLCLLL RPQSGSSPSG120

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 307:

50

- (A) LÄNGE: 472 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

55

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

65

DE 198 18 620 A 1

5 (A) ORGANISMUS: MENSCH

10 5 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 307:

15 SESLTHPGE PGGPPPGGAP TMATPLVAGP AALRFAAAAS WQVVRGRCVE HFPRVLEFLR 60  
SLRAVAPGLV RYRHHERLCM GLKAKVVVEL ILQGRPWAVQV LKALNHHFPE SGPIVRDPKA120  
TKQDLRKILE AQETFYQQVK QLSEAPVDLA SKLQELEQEY GEPFLAAMEK LLFEYLCQLE180  
KALPTPQAQQ LQDVLSWMQP GVSITSSLAW RQYGVDMGWL LPECSTDSV NLAEPMEQNP240  
PQQQRALHN PLPKAKPGTH LPQGPSSRTH PEPLAGRHFN LAPLGRRVQ SQWASTRGHH300  
KERPTVMLFP FRNLGSPTQV ISKPESKEEH AIYTADLAMG TRAASTGKSK SPCQTLGGRA360  
LKENPVDLPA TEQKENCLDC YMDDPLRLSLL PPRARKPVCP PSLCSSVITI GDLVLDSDDE420  
ENGQGEGKES LENYQTKFD TLPTLCEYL PPSGHGAIPV SSCDCRDSSR PL 472

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 308:

- 25 (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

45 (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 308:

55 PGFALRGAIG PREGRGGGRG YRRSSGRQPL VSWQRQARCG SGGAMSFC SF FGGEVFONHF 60  
EPGVYVCAKC CYELFSSRSK YAHSSPWPAF TETIHADSVA KRPEHNRSEA LKVSCGKCGN120  
GLGHEFLNDG PKPGQSRF 138

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 309:

- 65 (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

70 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

75 (iii) HYPOTHETISCH: ja

80 (vi) HERKUNFT:

85 (A) ORGANISMUS: MENSCH

90 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 309:

95 SYGATAAFLS RSEASYFR TD CETGFRFLPS WTRGQGCAPS ACLPSRSQT I PTLAGLEGFD 60  
QSGSCSDQGQ GGWQGRPPFP FCLLSSLGDV GLSFGEDESL SWNWASQGRV QRQGQEKKVR120  
V 121

# DE 198 18 620 A 1

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 310:

- (A) LÄNGE: 249 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 310:

SEQGAKSADS VAAQPRPVPA EGMNHQQMSL FSKKRKGLVQ SRGLGSVLMF QPLRPAFLSR 60  
RPGFQLQGGM ANVWPQCGR LGVVWAARLV TLGGRSFFAF RDKLQRAAEY SESGLPRLGA120  
VVQELVAQPI ATLATGHLQG FRSTIVLRTLIG HAVGVNGLGE RRPWRRVCIL RAAGEQLIAT180  
LGTHVNARFK VILENLAPPEE AAERHGATGT AARLPLPTDQ RLPTRRPPVP ASTSPPLPRT240  
NRSPEGESR 249

20

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 311:

30

- (A) LÄNGE: 204 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

40

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

45

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 311:

LGSSWIFVNL TVRFCILGKE SFYDTFHTVA DMMYFCQMLA VVETINAAIG VTTSPVLPSL 60  
IQLLGRNFIL FIIFTGTMEM QNKAVVFFVF YLWSAIEIFR YSFYMLTCID MDWKVLTWLR120  
YTLWIPLYPL GCLAEAVSVI QSIPIFNETG RFSFTLPYPV KIKVRFSFFL QIYLIMIFLG180  
LYINFRHLYK QRRRYGQKK KKIH 204

50

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 312:

55

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein

60

65

DE 198 18 620 A 1

- (C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 312:

RISGCSPRSS CCFQCPTADR FKKPTEQQQN EVFLRSTQKC TVPPLTRTST OVNGLSQCRR 60  
WKAAYIVCA QPYSLEVCLA YSNISSLSKA VHCYCQFDLH TVFPLDPCYH LDLVCVCVYV120  
CLCVCGLVWF ETGSCTVTG CSAVAQSRLT AALTS 155

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 313:

- (A) LÄNGE: 70 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 313:

AVMDQVMQFV EPSRQFVKDS IRLVKRCTKP DRKEFQKIAM ATAIGFAIMG FIGFFVKLIH60  
IPINNIIIVGG 70

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 314:

- (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 314:

FRNRKHLERK KKNPQNIQAN LYSVSFSHPH TCSPISKMKN SLPKCIQPPT MMILLIGIWIN 60  
FTKKPMNPII ANPIAVAMAI FWNSFLSGLV HLLTSRMESF TNCRLGSTNC IT 112

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 315:

- (A) LÄNGE: 110 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 315:

DEKLSSKMY ATNNNDVINRN MDQFHKEANE SHYSKSYCCC HGNLLEFFSI RFSASEFNQPN 60  
GVLYKLPTWL NKLHYLIHDC LPNRHLKCQG HVALELADGG PPEPESGFLP 110

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 316:

- (A) LÄNGE: 113 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 316:

GSSEGSYSSQ TETCPLTPSL VTGSMFAQNF LRGLSLQKSN LLPECCCLASE NLTLSFPSVN 60  
GHRCVAQGSE TSESRAQWHG VALVVRKVIG QLYCKRNKYV VQFCCKCQVCS VVL 113

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 317:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 317:

GKRGQLWSLN LLAPCAGYKT RWSKIALTP NPNAVQDLGA TQPVVIWCWF PFFVCLLVSK 60  
IALLGTAWKV QAFLLARSGL ASSPCLHSVP KEDFCSTLWS 100

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 318:

25 (A) LÄNGE: 101 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

30 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 318:

SQIISNLVDN YSIQEIMFSE TVINRIFTSG LAGRLGGRKG RVEGWVAHQN GDEPGKTTML 60  
LFLYPLKPI S RVLNDAFFVC FLIGSQISFS IKNWGYKPKE T 101

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 319:

(A) LÄNGE: 368 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 319:

WWRLNNKSAK VRQQAADLIS RTAVVMKTCQ EEKLMGHILGV VLYEYLGEELY PEVLGSILGA 60  
LKAIVNVIGM HKMTPPIKDL LPRLTPIKLN RHEKVQENCI DLVGRIADRG AEYVSAREWM120  
RICFELLELL KAHKKAIRRA TVNTFGYIAK AIGPHDVLAT LLNNLKQER QNRVCTTVAI180  
AIVAAETCSPPF TVLPALMNEY RVPELNVONG VLKSLSFLFE YIGEMGKDYI YAVTPLLEDA240  
LMDRDLVHQRQ TASAVVQHMS LGVYGFEGCED SLNHLLNYW PNVFETSPHV IQAVMGALEG300  
LRVAIGPCRM LQYCLQGLFH PARKVRDVYVW KIYNISIYIGS QDALIAHYPR IYNDDKNHLI360  
IRLMNLGL 368

5

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 320:

- (A) LÄNGE: 121 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 320:

YPFFTLCQRN RVFDISSLVK EMLQNVNCFK LKLPLKRPRY IYLIVYIMFN ICQSILQVCS 60  
FISIKYGYVV AQLLKWYCIV YICTPNNIVC TFCFLYCICA GFFRLYQCNL CLLRYVQKMS120  
I 121

35

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 321:

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 321:

FFFFFFFFF HSNVYFFFFFF FFFFFGKNVI YLHCFHSSTV VLGLNISITL LFPIYILLEY 60  
YYKYNIQFKK TYGETQLMFF SPLYRLLSII RLQWKFIWTF SVHILKGRDY TDKA 114

60

65

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 322:

DE 198 18 620 A 1

- 5                   (A) LÄNGE: 123 Aminosäuren  
                 (B) TYP: Protein  
                 (C) STRANG: einzeln  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

10               (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15               (iii) HYPOTHETISCH: ja

20               (vi) HERKUNFT:

- 25                   (A) ORGANISMUS: MENSCH

30               (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 322:

35               EKCGQYIQQG YSKLKIYNCE LENVAEFEGL TDFSDTFKLY RGKSDENEDP SVVGEFKGSF 60  
RIYPLPDDPS VPAAPRQFRE LPDSVPQECT VRIYIVRGLE LQPQDNNGLC DPYIKITILGK120  
KVIEDRDHYI PNTLNPFVGR MYELSCYLPQ EKDLKISVYD YDTETRDEKV GETIIDLENR180  
25               FLSRFGSHCG IPEEYCVSGV NTWRDQLRPT QLLQNVARFK GFPQPILED GSRIRYGGRD240  
YSLDEFANK ILHQHILGAPE ERLALHILRT QGLVPEHVET RTLHSTFQPN ISQGKLQMNV300  
DVFPKSLGPP GPPFNITPRK AKYYLRRVII WNTKDVILDE KSITGEEMSD IYVKGWIPGN360  
EENKQKTDVH YRSLDGEGNF NWRFVFPFDY LPAEQLCIVA KKEHFWSIDQ TEFRIPPRLI420  
30               IQIWQNDKFS LDDYLGFLEL DLRHTIIPAK SPEKCRLLMI PDLKAMNPLK AKTASLFEQK480  
SMKGWWPCYA EKD GARVMAG KVEMTLEILN EKEADERPAG KGRDEPNMNP KLDLPNRPET540  
SFLWFTNPCK TMKFIWRRF KWVIIGLLFL LILLLFVAVL LYSLPNYLSM KIVKPNV 597

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 323:

- 35                   (A) LÄNGE: 76 Aminosäuren  
                 (B) TYP: Protein  
                 (C) STRANG: einzeln  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

40               (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45               (iii) HYPOTHETISCH: ja

50               (vi) HERKUNFT:

- 55                   (A) ORGANISMUS: MENSCH

60               (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 323:

65               IRRDKAYLT F KWRDDENPLI QSFR TKRQSS DKSMTWMKCP TGAL DIFNFC DYVKEVDFTD60  
NGAEANISKR NPNFFF 76

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 324:

- 65                   (A) LÄNGE: 90 Aminosäuren  
                 (B) TYP: Protein  
                 (C) STRANG: einzeln  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 324:

FELYSFSSDN HDFRSFKTIY LAFVSGGELA ISLLKPAAIV NLRTGLSWGS EGKELFEQMC60  
VGGTGFHPTA KLVLEISFY NTKISLCQRF 90

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 325:

20

(A) LÄNGE: 60 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

25

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 325:

40

TRSLLYFHMF LILWEEVGIP FTNVGFCSII CKVHLFIIIA EIKDVQGPCR AFHPCHTLIR60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 326:

45

(A) LÄNGE: 42 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

50

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 326:

65

DE 198 18 620 A 1

IRNEKKGCVL SVGEMELVLV VLEQDRHLVL MLNSFVIVEH RG

42

5 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 327:

- (A) LÄNGE: 50 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
10 (D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15 (iii) HYPOTHETISCH: ja

20 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 327:

ATCSDNRSKI FQLFNLECYV LLEPAICMYR INNFYSFGQV ILRQSQWIQK

50

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 328:

- (A) LÄNGE: 48 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
35 (D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 328:

PKGVVVNPG A LLSQRTTASE LSACPAPTL P GPVPSHLL IR HSLSSHSL

48

55 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 329:

- (A) LÄNGE: 100 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
60 (D) TOPOLOGIE: linear

65 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 329:

ISEVAVNFSV LLLASVCLPI DTHYTNVPSK CSLHICFHCV PTGAMKCVRS PSSGGMSAAL 60  
TTAIRIVLCG IFIYINFICT VISLFICQVT ICKSYTHKLL 100

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 330:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 330:

EAQKWLICWNT KNYKKHQSLV SRMQALALGD GSSLENAAAD SLFQRSSFER RVCYISFFT 60  
TLWRLHDIVVV SCFLKITGIW RPVKPFWTDI SSKYFFIKVF EGDDFLDLWL DILGFPDYIV 120  
LS 122

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 331:

40

- (A) LÄNGE: 124 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 331:

ENWASRYFQS SFTEQKVWVG HWLEGDSPTL TVTIWAATGG IVQLASRCIP HLKYCWIKAI 60  
YTLAKSKAKE IALDPESQOD HLIFPNQHLG QQLPSTFLFH SWFFFFFFFLQ DLAVTQDG 120  
WHDH 124

60

65

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 332:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 332:

LNVLDLLITRR LCEKIYVYIY MICRSHEFFYQ ALFSLQSHSL TVCNSWFMLM IDKYPVFVTF60  
SNYHCNDNLS HVYTCNFLAS FP 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 333:

- (A) LÄNGE: 82 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

### (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

#### (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 333:

RLVKYKNSLN REKASQVFPL KVKYGTFHFN KVNDFKNLTF FRRKKKTSYE PSLVNHLYK60  
TEPLEFKKCEC KILRSHEIMP WS 82

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 334:

- (A) LÄNGE: 75 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzeln
  - (D) TOPOLOGIE: linear

## (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 334:

10

KLEYIMSTAN CSFCLILTDY AFPQRSSRSH IYRHIYGSSL KEKTILSSIM IYHCAINQKN60  
QVRNTIKTTL KGKNF 75

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 335:

15

- (A) LÄNGE: 72 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 335:

35

NEYCSWSTCI KQKTCQOLLGA NTQNLVPVFF FFLTTIVYTF LKIKFVTKSP MSFTCIYDHQ60  
MViRATyVNA CL 72

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 336:

40

- (A) LÄNGE: 93 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 336:

60

THNTSTITAY RKLQSTLQAS KVHSVAQSPW RGRDLKVLMs SYFTCFLLST QCKMNFLHSL60  
YFRLKIDSFL VLTTLLEGTV VPGKRSRFTV PNH 93

65

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 337:

- 5           (A) LÄNGE: 99 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzeln  
             (D) TOPOLOGIE: linear

10           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15           (iii) HYPOTHETISCH: ja

20           (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

25           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 337:

LGPRGEIEVY LAKSLAEKLY LCQYPVRPAS MTYDDIPHLS AKIKPKQQKV ELEMAIDTLN60  
25.           PNYCRSKGEQ IALNVDGACA DETSTYSSKL MDKQTFCSS                   99

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 338:

- 30           (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzeln  
             (D) TOPOLOGIE: linear

35           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40           (iii) HYPOTHETISCH: ja

45           (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50           (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 338:

50.           GKSRRSACPS ASRNTCWSRR RRRPRRSAQS APLCCGNSWG SGCRWPSQAL PSAAWA                   56

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 339:

- 55           (A) LÄNGE: 59 Aminosäuren  
             (B) TYP: Protein  
             (C) STRANG: einzeln  
             (D) TOPOLOGIE: linear

60           (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65           (iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 339:

GRAEGLLVHQ LRGIRAGLVG AGPVHVQRNL LPFAAAIVGV QGVDGHLKLY LLLLGLDLG 59

10

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 340:

(A) LÄNGE: 157 Aminosäuren

15

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

25

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

30

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 340:

QPSSLLHHCP YPYPPRHLA TPILLKPQLLA GSPAHASLIS FLASPQRASR QHGGPSQRAG 60  
TLLSCPVLVELG GSSGGRGLCH GSADPTNRRAA EPQERGEPA A GDRRPLPEWG RVSLAESPAGA120  
EFRCPGSLGE WGEIPEKESS AHPKTTEEAL CPAPGSH 157

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 341:

(A) LÄNGE: 260 Aminosäuren

40

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 341:

NHSCWQGPQL MPASSPFLLA PKGPPGNMGG PVREPALSVA LWLSWGAALG AVACAMALLT 60  
QQTEQLSQLRR EVSRLQGTGG PSQNCEGYPW QSLPEQSSDA LEAWESERS RKRRAVLTQK120  
QKKQHSVLHL VPINATSKDD SDVTEVMWQP ALRRGRGLQA QGYGVRIQDA GVYLLYSQVL180  
FQDVTFTMGG VVSREGQGRQ ETLFRCIRSM PSHPDRAYNS CYSAGVFHLH QGDILSVIIP240  
RARAKLNLSHGHTFLGFVKL 260

60

65

DE 198 18 620 A 1

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 342:

- (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 342:

TPASWIRTPY PWACRPLPRL RAGCHITSVT SESSLEVALM GTRCRTECCF FCFWVSTALL 60  
FRDLSPSLSQA SRASELCSGR LCQGYPSPFW EGPPVPCSRL TSLRLLCSSV CWVSRAMAQA120  
TAPRAAAPQLN QRATESAGSL TGPPMLPGGP LGASKKGDEA GMSWGPCQQL WFQEWSKEV180  
AGRVRVRRAVV QKGRRLLRKE K 201

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 343:

- (A) LÄNGE: 165 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 343:

GRRSRMEIPV PVQPSWLRRSA SAPLPGLSAP GRLFDQRFGE GLLEAELAAL CPTTLAPYYL 60  
RAPSVALPVA QVPTDPGHFS VLLDVKHFSP EEIAVKVVG E HVEVHARHEE RPDEHGFVAR120  
EFHRRYRLPP GVDPAAVTSA LSPEGVLSIQ AAPASAQAPP PAAAK 165

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 344:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 344:

10

TALAQPQASQ AQSPHPPNVL DCTDLPLQTI QAWFPRPDPS PATRQSTTAP SSPFSAVKPQ 60  
PATPDSGTLF RLPQLLDTRP TRTPNTKLYR LSHPNLPRLC TDVLGPLPNS NQTPSP 116

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 345:

- (A) LÄNGE: 111 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 345:

DIRAESGEVG VGESVQFGVG CSSWPGVQEL GQSKKGSRVW CGWLGFHGRK WAGGGSCRLS 60  
GCRGRIGSWE PGLDGLEWEV CAVQDVWGVG GLCLTGLGLG QGCLHHNLVS K 111

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 346:

- (A) LÄNGE: 53 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 346:

65

DE 198 18 620 A 1

RTEEEKKKKE KNOQQPQLPTP KCWSFYVKGR IPGYGHGVYK YVGRFSEANSE PTV

53

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 347:

- 5  
10  
15  
10  
15  
20  
25  
30  
35  
40  
45  
50  
55  
60  
65
- (A) LÄNGE: 51 Aminosäuren
  - (B) TYP: Protein
  - (C) STRANG: einzel
  - (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 347:

25 NELKWTNRAE LSVGWQSWKP AFPASHQLNE VSMSTIQLRLF FKNNHAFLNP N

51

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 348:

- (A) LÄNGE: 15 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 348:

50 RHAGGGALGN LPPQPPGSGV MHPETCPSTF LASPLPHSIA PGLFLLDLVL VLALFLIFFY 60  
YESPGRRGDS GSWPGPGRQV ALEMGKCLCR GAEILSLCFSF FPLLLPLHTP VAGRNLGFPE120  
SLGVPPFLPH PGGTPRAPGL FLLLFSFWAV 150

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 349:

- (A) LÄNGE: 131 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 349:

10

RSFLTRSVIK LPKRKTRGET SPGPWAFLPG GVRRVGPPSF QGSRGSFQPR GCEGEGVEEK 60  
RRNRERAQRL DTDTPSPGP PAVLAQASSH CHLCVQEIHN KKKSKTKPKP KQNPKGKD LG120  
QWNNEEGRRG R 131

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 350:

- (A) LÄNGE: 151 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

20

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 350:

RKKGETEREL SASTQTLSHL QGLPSWPRP APTVTSASRR FIIKKNQKQS QNQNQIQKEK 60  
TWGNGMRKRG GEEGRAGLW MHNSRARGLG RKIPQRPAAC VALARHVVFG GRLPIHPVEI 120  
LVAGLLGGVK PVSDRQAGKG LGDGGCGRER V 151

40

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 351:

- (A) LÄNGE: 108 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

45

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

50

(iii) HYPOTHETISCH: ja

55

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

60

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 351:

65

DE 198 18 620 A 1

TILTAHEGRGG KCTEEGDASQ QEGCTLGSDP ICLSE3QVSE EQEEMGGQSS AAQATASVNA 60  
EEIKVARIHE CQWVVEDAPN PDVLLSHKDD VKEGEQQQES FFEELPSEL 108

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 352:

- 10 (A) LÄNGE: 77 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

15 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20 (iii) HYPOTHETISCH: ja

25 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

30 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 352:  
KFFGNSLHAT PKCTPITLWL FSEKDFSQIV PFTPLRAALG NSPDHLLPPS RHLCVTAGHP60  
GLEHPPPPTD THEYGLP 77

35 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 353:

- (A) LÄNGE: 122 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:  
(A) ORGANISMUS: MENSCH

55 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 353:  
TYSIHLHSQT KLKSLKVHKK IAQLKSAEYT QNCNPTVFSV FPAILFPPQT SSAPSHPKYA 60  
IVFVILIKIL KQKFIVEQFM STKVCLSCSC PVCISSGFII QIKKILKNFL VTACMQPLSV120  
BL 122

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 354:

- (A) LÄNGE: 457 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

5

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

10

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 354:

PVCEPLSCGS PPSVANAVÄT GEAHTYESEV KLRCLEGYTM DTDTDTFTCQ KDGRWFPERI 60  
SCSPKKCPLP ENITHILVHG DDFSVNRQVS VSACAEYTAE GVNISVCQLD GTWEPPFSDE120  
SCSPVSCGKP ESPEHGFVVG SKYTTFESTII YOCEPGYELE GNRRERVCQEN RQWSGGVAIC180  
KETRCETPLE FLNGKADIEN RTTGPNVVYS CNRGYSLEGP SEAHCTENGTE WSHPVPLCKP240  
NPCPVVPVIP ENALLSEKEF YVDQNVSICK REGFLLQGHG IITCNPDDETWT TQTSAKCEKI300  
SCGPPAHVEN AIARGVHYQY GDMITYSCYS GYMLEGFLRS VCLENGWTWS PPICRAVCRF360  
PCQNGGICQR PNACSCPEGW MGRLCEEPIC ILPCLNGGRC VAPYQCDCPP GWTGSRCHTA420  
VCQSPCLNG KCVRPNRCHC LSSWTGHNCS RKRRTG 457

15

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 355:

25

- (A) LÄNGE: 210 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

40

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 355:

45

GVRAASKEIE EIRRAAHREGT SRAVTGEGPA AGRMTVPKQT QTPDLLPEAL EAQVLPRFQP 60  
RVLOVOAQVQ SQTQPRIPST DTQVQPKLQK QAQTQTSPEH LVLQQKQVQP QLQQEAEPKQ120  
QVQPVQVQPA HSQGPROVQL QQEAEPLKQV QPQVQVQPAHF TAPRAGAAAA EEAGPDTDFS180  
TGAHTGHSQA SRHRELLPGA VFSFRPPGAG 210

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 356:

55

- (A) LÄNGE: 292 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

(iii) HYPOTHETISCH: ja

DE 198 18 620 A 1

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

5

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 356:

10 GRAGRRATMF SQQQQQQQLQQ QQQQLQQQLQQ QQLQQQQQLQQ QQLLQLQQLL QQSPQQARCH 60  
GVSGGPPQQP QQPLLNQGT NSASLLNGSM RQRALLLQQL QGLDQFAMPP ATYDTAGLTM120  
PTATLGNLRG YGMASPGLAA PSLTPPQLAT PNLLQQFFPQA TRQSLLGPPP VGVPMNPSQF180  
NLSGRNPQKQ ARTSSSTTPN RKDSSSQTMP VEDKSDPPEG SEEAAEPRMD TPEDQDLPPC240  
PEDIAKEKRT PAPEPEPCEA SELPAKRLRS SSEEPEKEPP GQLQVKAQPQ AG 292

15

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 357:

- 20 (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

30

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

35

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 357:

40 PRRLPSVAVG MVRPAVSYVA GGIANWSSPC NCCKSKALCR MEPLRREAEEL VPWRFRSGCC 60  
GCCGGPPLTP WQRACGGDCW SSCWCSNCC CCNCCCWSCC CCNCWSCCCC CWSCCCCWL120  
NMVARLPARP QRSSRPHGWA GPAAPTPRPG GSGPRAPGLP AATPGPVGS 169

# DE 198 18 620 A 1

ISKTKKYCGS PSSRIRLEGG HLEMRKARGG DHVPVSHEQP RGGEDAAAQE PRQRFEPELG 60  
LKRAVPGGQR PDNAKPNRDL KIQAGSDLRR RRRFLCPHAE SQLAFRDGVI IGLNPLPDVQ120  
VNDLRGALDA QLRQAAGGAL QVVHSRQLRQ APGPPEES 158

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 359:

- (A) LÄNGE: 119 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 359:

QSLRTLNKN KKVLWISLEP NSARGRSPGD EKGPRGGPCA CVPRAAERRG GRCCPGAQAE 60  
ARARAGAQTS CPGGPEAGQC QAQPGPETAG WLRPPEATAG PWPSCRGSAG PEGWGHHWP 119

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 360:

- (A) LÄNGE: 187 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 360:

PPEFGWDAAE TDLLLAEEGS GWRGPHGQQV LGLLWRPRRL SKLPAVDHLD SSPRSIAELG 60  
IQQATEVVHL DIRQGVKAND DPIPGRQLTL CMRAKVPPSP PEVGASLQFQ VPVGLGIVRP120  
LAPRDSSFEP QLWLWFLPGL LGSSVLPASR LLVGHHRHMVP PAGLSHLQVT ALEPNSARGR180  
STVLFCF 187

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 361:

- (A) LÄNGE: 86 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

DE 198 18 620 A 1

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 361:

STIILGKSRI EFFSRCPTRV GQGPQSRLIN SHRIQTPGKI ALRSQLLSSL YGSRKNSTKM60  
TGHPMMSVMPM KPHLLEKPLN QNYLFS 86

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 362:

25 (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

30 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 362:

45 ITKAIIVFSV FSSGYTVEVR ESLILLEGAI IKAMQQPKIK HFGSSQDDMS GDRSCGSHSN60  
NLMGPEEKTG VNVLSFYMQ ELC 83

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 363:

(A) LÄNGE: 117 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

55 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 (iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 363:

# DE 198 18 620 A 1

YKNDRSSYER HANETPSSGE ALESELSFFL MSSDAAASFLI FLKTVCFCGM YICTPNYLAL 60  
GNHSTTQRQL NKEKFNFKYQ VLSNISQTSD FIKGLPANKV HPKYTGEKAR LLQGPRV 117

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 364:

- (A) LÄNGE: 83 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 364:

SCRCFYCMPD MPLTRFWRTP NSPRMTRRHS HVICIFSYQL QIVALLRLPP VQQEMERKHF60  
SFLHTTPLDN WKYFWVITIL GYF 83

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 365:

- (A) LÄNGE: 144 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

## (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 365:

QYGPSRVEVE MSYRIANTLG SFLPRLAQSR QQQQNVEDAM KEMQKPLARY IDDEDLDRML 60  
REQEREGDPM ANFIKKNKAK ENKNKKVRPR YSGPAPPPNR FNIWPGYRWD GVDRSNGFEQ120  
KRFARLASKK AVEELAYKWS VEDM 144

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 366:

- (A) LÄNGE: 116 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

65

5 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

10 (iii) HYPOTHETISCH: ja

15 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

20 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 366:

25 KPTKHRCQCQH PKKYRYLNPN IRSRIFFCGQ NWHSTSCWSV WAPIISTDNC YHWISRCLCP 60  
LPQPSHPHSL RKVTYPQHSI CRQVPLPSC WQAWQSASVQ IHWICPLRPS DIQARY 116

30 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 367:

35 (A) LÄNGE: 160 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

35 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40 (iii) HYPOTHETISCH: ja

45 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

50 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 367:

55 SSENPPNTAA VNTPRSTGTS IQTSGLEYSS VVKTGIQQVA GLCGLQLLAQ TTWTGYLAA 60  
YAHYHSPATP TASGKLHILN TPFGKFLHC LLAGKPGKAL LFKSIGSVHS VPAISRPDIK120  
SVGRRCWITIV ARSHFFILVL LGILLDEVG HRVPLSFLFS 160

60 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 368:

65 (A) LÄNGE: 227 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

70 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

75 (iii) HYPOTHETISCH: ja

80 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 368:

WESMNRWYVK PLETSSSKVK AKTIVMIPDS QKLLRCELES LKSQQLQAQTK AFEFLNHSVT 60  
MLEKESCLQQ IKIQQLEEV L SPTGRQGEKE EHKGWGMEQGR QELYGALTQG LQGLEKTLRD120  
SEEMQRART RCLQLLAQE I RDSKKFLWEE LELVREEVTF IYQKLQAQED EISENLVNIQ180  
KMQKTQVKCR KILTKMKQG HETAACPETE EIPQEPVAAG RMTSRRN 227

5

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 369:

10

- (A) LÄNGE: 155 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

20

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

25

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 369:

30

FIFSLLEGSSG RAVPAAQAGG KGGALLLKGG WERSWSESES ESQEGSGGLR HWCPPLWPLRL 60  
EALGQAPEHK VRLSMEEFCST CTADHISLSS FWRSSFQQPL APAVSLQSPD RRLSHDPAAS120  
SWGFCGISP AFSAFSECSP SSLRSHPAL GASDR 155

35

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 370:

35

- (A) LÄNGE: 114 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

40

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

45

(iii) HYPOTHETISCH: ja

50

(vi) HERKUNFT:

50

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

55

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 370:

DILLRLELL IDEGHILPHQ FQLLPQELLA VPDLGGQQLQ AASGAGPLHL LTVTQGLLQP 60  
LKALGQGPIQ LLPALLHAPL VLLLLSLAAC GAQHLFKLLN LDLLQAALLL QHGH 114

60

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 371:

65

DE 198 18 620 A 1

- 5                   (A) LÄNGE: 201 Aminosäuren  
                 (B) TYP: Protein  
                 (C) STRANG: einzeln  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

10               (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15               (iii) HYPOTHETISCH: ja

15               (vi) HERKUNFT:

- 15                   (A) ORGANISMUS: MENSCH

20               (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 371:

25               TASTLRAVFP RPASESPPLR ARSDAEDLTA AMSSNECFKC GRSGHWAREC PTGGGRGRGM 60  
RSRGRGFQFV SSSLPDICYR CGESGHLAKD CDLQEDACYN CGRGGHIAKD CKEPKREREQ120  
CCYNCKGPGH LARDCDHADE QKCYSCGEFG HIQKDCTKVK CYRCGETGHV AINCSKTSEV180  
NCYRCGESGH LARECTIEAT A 201

30               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 372:

- 30                   (A) LÄNGE: 189 Aminosäuren  
                 (B) TYP: Protein  
                 (C) STRANG: einzeln  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

35               (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40               (iii) HYPOTHETISCH: ja

45               (vi) HERKUNFT:

- 45                   (A) ORGANISMUS: MENSCH

50               (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 372:

55               LATAVTVDF CLAAVDGYMT SFTTPIALHF GAVFLNVSEF STRIAFLLIC MVAVTSQMAW 60  
FATVVAALLS LSLGLLAVLG NVATSTAVIA GILLKITILG KMTRLTTAIT NIWKRRGNKL120  
ETSATASHST TTASTSRFP GPVARSSGLE ALIAAHGCSQ IFRVGAGPQR RRLGRRPGED180  
GSQGRGCLF 189

55               (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 373:

- 60                   (A) LÄNGE: 316 Aminosäuren  
                 (B) TYP: Protein  
                 (C) STRANG: einzeln  
                 (D) TOPOLOGIE: linear

65               (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

# DE 198 18 620 A 1

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 373:

GGDPVVSSTY RSVGCSSEQQK PASSDVVLPA TMSYTGFVQG SETTLQSTYS DTSAQPTCDY 60  
GYGTWNSGTN RGYEGYYGYGY GYGQDNTTNY GYGMATSHSW EMPSSDTNAN TSASGSASAD120  
SVLSRINQRL DMVPHLETDM MQGGVYGSGG ERYDSYESCD SRAVLSERDL YRSGYDYSEL180  
DEPEMEMAYEG QYDAYRDQFR MRGNDTFGPR AQGWARDARS GRPMAAGYGR MWEDPMGARG240  
QCMSGASRLA LPPLLPEHHPR VRHVPVGACEV GAPSRRAASRF GFRVWQWHEA DEGGLGRRGP300  
QPICEPRRRR ESRAAF 316

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 374:

(A) LÄNGE: 200 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 374:

IPIALLTGSI RMPPCFLFFF LVRKSAVVPV FPVRPHLLHA IAKPENQNGK PPGKAPQPRM 60  
PLEHAVLGDD VLGEEGGQAE RHQCTGP GP PWGLPTCAHS LRPLLAGRSGH PGSPSPVWDR120  
RCRCHACGTG RGRHRIGPHR PFPSQGQARC SHSLTGTGRA HS GRPSSRRT HKSHTFLHLS180  
RTRLLASCLS PNAAPYLSAG 200

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 375:

(A) LÄNGE: 218 Aminosäuren

(B) TYP: Protein

(C) STRANG: einzeln

(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

DE 198 18 620 A 1

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 375:

5 STSHDCVPQA DAAAYSRTAD GETEARGGRG GADLPASPSP RPRLAPPWPV RSTRGARRRR 60  
TARGQAGSSS AMAAQRLGKR VLSKLQSPSR ARGPGGSPGG LQKRHARVTV KYDRRELQRR120  
LDVEKWIAGR LEELYRGMEA DMPDEINIDE LLELESEER SRKIQGLLKS CGKPVEDFIQ180  
ELLAQKQGLH RQPGLRQPSP SHDGSLSPLO DRARTAHP 218

10 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 376:

- 15 (A) LÄNGE: 112 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

20 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

25 (iii) HYPOTHETISCH: ja

30 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 376:

NQLKLQQAG SFSQECKGE NILSFLLQGN HCPGPASGR HNLSKVQGML ARKGGILDCC 60  
LLSEPSPTPQ PASWCLFSSK LSLPNLSSSE GKRESVPGFS RVGERTGKGT DI 112

40 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 377:

- 45 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

50 (vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

60 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 377:

VRPEHSLMVL SLDTPTSYLQ FSRRRASGTL GCKPNLGSMF ALNPNSQRSS ECIFHAAAG60  
CWPFCVFSQ PSEITSFLVA VTNSSWTTMK LIYFPI 96

65 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 378:

- (A) LÄNGE: 145 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein

# DE 198 18 620 A 1

- (C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

15

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 378:

SNRLVASPKK DARVKTFFPS FCREEIIALVC QPVVGTTFQK FKGCWLEKEV FWIAASSQNP 60  
LLPHSLPPGV FFPPNSLYLT SLHQKASGNL FRVSVEWEKG QAKAQIFRRE SSYFWPLHVP120  
YSGIVGPDDW HSDSQLWFWE NIRGS 145

20

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 379:

25

- (A) LÄNGE: 429 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35

(iii) HYPOTHETISCH: ja

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

40

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 379:

45

RQFEITSISV DVWHITEFDY SRLPKQSIGQ FHEGDAYVVK WKFMVSTAVG SRQKGEHSVR 60  
AAGKEKCVYF FWQGRHSTVS EKGTSALMTV ELDEERGAQV QVLQGKEPPC FLQCFQGGMV120  
VHSGRREEEE ENVQSEWRLY CVRGEVPVEG NLLEVACHCS SLRSRTSMVV LNvnkaliyl180  
WHGCKAQAH KEVGRTAANK IKEQCPLAEG LHSSSKVTIH ECDEGSEPLG FWDALGRRDR240  
KAYDCMLQDP GSFNFAPRLF ILSSSSGDF ATEFVYPARA PSVVSMPFL QEDLYSAPQP300  
ALFLVDNHHE VYLWQGWPI ENKITGSARI RWASDRKSAM ETVLQYCKGK NLKKPAPKSY360  
LIHAGLEPLT FTNMFPSWEH REDIAEITEM DTEVSNQITL VEDVLAKLCK TIYPLADLLA420  
RPLPEGSIL 429

50

(2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 380:

55

- (A) LÄNGE: 169 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

65

DE 198 18 620 A 1

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 380:

DVFHEGDLIG NFRVHLCCLS DVLSQLPAGK HIGECQGLQT SVDKVRLGGW FLEIFSFAVL 60  
EHSLHRTLPV GGPADAGGTS DLVLDGPPAL PEVHLVVIVN KEKCWLGRAV QIFLQEKGHT120  
15 DHRGGSGRVH KLCGCKTPRG AAEDEQAGRE VKTSRILKHA IVGFPVSPS 169

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 381:

- 25 (A) LÄNGE: 234 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 30 (iii) HYPOTHETISCH: ja

35 35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

40 40 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 381:

GIPSEEWLGA FITLVYCDFA ATMQSCFQGT LFLDLVRSGP SDLLRVGLGE ASVPQVDEGL 60  
VDVKHHHGSS GPQAATVTGH FQQIPFHGHL STHAVQPPLT LHIFFFLFPP PRVHHHPPL120  
TLQETGGLLS LENLDLGPPF LVQLHRHQRR RALLTHGGVP ALPEEVVDALL FAGCPHRVLS180  
LIATSHCRAH HELPLDHIGI PLMELPDALF GEPAIVEFQD VPDIHGNAGD LKLP 234

45 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 382:

- 50 45 (A) LÄNGE: 81 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzeln  
(D) TOPOLOGIE: linear

55 55 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60 55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65 60 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 382:

# DE 198 18 620 A 1

RLFAPLRTSW AVVIPGARVA LCFYKIMTYV TCLHVCLLVE FLNSQLTNHK KYYFLSYGFW60  
FTGLRGFSEY LWPQQHTQFP S 81

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 383:

- (A) LÄNGE: 61 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5

(iii) HYPOTHETISCH: ja

10

(vi) HERKUNFT:

20

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 383:

25

IVNRTTACTL FEVNLEWKAR DYTLLFKIDIC GAHTIYEIVP SKKEKKKIRR SNLEQHCLIK60  
A 61

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 384:

- (A) LÄNGE: 56 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

30

(iii) HYPOTHETISCH: ja

35

(vi) HERKUNFT:

45

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 384:

50

PPDFFFFLFFR GYYFIYCVSP TNVYFKKSIV PGLPFQIHLK ESTCSSPVYN LIEMRK 56

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 385:

55

- (A) LÄNGE: 139 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

60

65

DE 198 18 620 A 1

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 5 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 10 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 385:

LDSSHCCSCS TALFRTQTTA AAVPRMVIRV YIASSSGSTA IKKKQQDV LG FLEAN KIGFE 60  
EKDIAANEEN RKWMREN VP E NSRPATGYPL PPQIFNESQY RG DYDAFFEA RENNAVY AFL120  
GLTAPPGSKE AEVQAKQQA 139

20 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 386:

- 25 (A) LÄNGE: 95 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

30 25 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

35 (iii) HYPOTHETISCH: ja

40 35 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

45 35 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 386:

ETKHILLFLL NRCRARGRCN IYTDHHPGNS GCGCLGPEKG CGAAAAMAGI QLGAETAVGR60  
EGWGKVEGEL ARAPPPLAA STELSKRCSS SPKPR 95

50 (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 387:

- 55 (A) LÄNGE: 96 Aminosäuren  
(B) TYP: Protein  
(C) STRANG: einzel  
(D) TOPOLOGIE: linear

60 50 (ii) MOLEKÜLTYP: ORF

55 (iii) HYPOTHETISCH: ja

65 60 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

65 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 387:

# DE 198 18 620 A 1

FCIHFECLHV KTQLIYYFNI KPI SFFAKLI LLFYKSNGDS FFRMLKQCL RFMLAALLAL 60  
LLPLNQVGLS SLRRHTLHYF LWLQRRHHSP RDTGFH 96

5

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 388:

- (A) LÄNGE: 221 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

10

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

15

(iii) HYPOTHETISCH: ja

20

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 388:

25

FIMLNIIILIK FSSFSIRCAI LSSVCLNEAI TFAFLLQVFL WNMDKYTMIR KLEGHHHDVV 60  
ACDFSPDGAL LATASYDTRV YIWDPHNGDI LMEFGHLFPP PTPIFAGGAN DRWVRSVSFS120  
HQGLHVASLA DDKNVRFWRI DEDYPVQVAP LSNGLCCAFS TDGSVLAAGT HDGSVYFWAT180  
PRQVPSLQHL CFMSIERRVMP TQEVEELPIP SKLLEFLSYR I 221

30

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 389:

- (A) LÄNGE: 118 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

35

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

40

(iii) HYPOTHETISCH: ja

45

(vi) HERKUNFT:

- (A) ORGANISMUS: MENSCH

50

(xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 389:

KGGATCPESP QDRKRRGNLD MEKLYSENEG MASNQGKMEN EEQPQDERKP EVTCTLEDKK 60  
LENEGKTENK GKTGDEEMLK DKGPSEGE AKEGKSEREG ESEMEEVERE GTRGRGSG 118

55

## (2) INFORMATION ÜBER SEQ ID NO: 390:

- (A) LÄNGE: 138 Aminosäuren
- (B) TYP: Protein
- (C) STRANG: einzeln
- (D) TOPOLOGIE: linear

60

65

(ii) MOLEKÜLTYP: ORF

5 (iii) HYPOTHETISCH: ja

10 (vi) HERKUNFT:

(A) ORGANISMUS: MENSCH

15 (xi) SEQUENZ-BESCHREIBUNG: SEQ ID NO 390:

RFPYLGFLPLS RPPPSI TLPP SLTFLLPLP HSLAFLYPLT FPHLLFCPCF LSFPRFLTSC 60  
LPEYKL LLAF SRLVAVLHFP SELGLKPFLH FHCRVFFCRD FPSFSCPAGI LDRLLL LFSF120  
AERWEQQTRR PGRSWTKN 138

20

Patentansprüche

1. Eine Nukleinsäure-Sequenz, die ein Genprodukt oder ein Teil davon kodiert, umfassend
  - a) eine Nukleinsäure-Sequenz, ausgewählt aus der Gruppe Seq ID No. 24-127.
  - b) eine allelische Variation der unter a) genannten Nukleinsäure-Sequenzen oder
  - c) eine Nukleinsäure-Sequenz, die komplementär zu den unter a) oder b) genannten Nukleinsäure-Sequenzen ist.
2. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einer der Sequenzen Seq ID Nos. 1-127, oder eine komplementäre oder allelische Variante davon.
3. Nukleinsäure-Sequenz Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127, dadurch gekennzeichnet, daß sie in Blasennormalgewebe erhöht exprimiert sind.
4. BAC, PAC und Cosmid-Klone, enthaltend funktionelle Gene und ihre chromosomal Lokalisation, entsprechend den Sequenzen Seq. ID. No. 1 bis Seq. ID No. 127, zur Verwendung als Vehikel zum Gentransfer.
5. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 90%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
6. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 4, dadurch gekennzeichnet, daß sie eine 95%ige Homologie zu einer humanen Nukleinsäure-Sequenz aufweist.
7. Eine Nukleinsäure-Sequenz, umfassend einen Teil der in den Ansprüchen 1 bis 6 genannten Nukleinsäure-Sequenzen, in solch einer ausreichenden Größe, daß sie mit den Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 6 hybridisieren.
8. Ein Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4500 bp aufweist.
9. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 50 bis 4000 bp aufweist.
10. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, die mindestens eine Teilsequenz eines biologisch aktiven Polypeptids kodiert.
11. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß einem der Ansprüche 1 bis 9, zusammen mit mindestens einer Kontroll- oder regulatorischen Sequenz.
12. Eine Expressionskassette, umfassend ein Nukleinsäure-Fragment oder eine Sequenz gemäß Anspruch 11, worin die Kontroll- oder regulatorische Sequenz ein geeigneter Promotor ist.
13. Eine Expressionskassette gemäß einem der Ansprüche 11 und 12, dadurch gekennzeichnet, daß die auf der Kassette befindlichen DNA-Sequenzen ein Fusionsprotein kodieren, das ein bekanntes Protein und ein biologisch aktives Polypeptid-Fragment umfaßt.
14. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Ansprüchen 1 bis 10 zur Herstellung von Vollängen-Genen.
15. Ein DNA-Fragment, umfassend ein Gen, das aus der Verwendung gemäß Anspruch 14 erhältlich ist.
16. Wirtszelle, enthaltend als heterologen Teil ihrer exprimierbaren genetischen Information ein Nukleinsäure-Fragment gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10.
17. Wirtszelle gemäß Anspruch 16, dadurch gekennzeichnet, daß es ein prokaryontisches oder eukaryontische Zellsystem ist.
18. Wirtszelle gemäß einem der Ansprüche 16 oder 17, dadurch gekennzeichnet, daß das prokaryontische Zellsystem E. coli und das eukaryontische Zellsystem ein tierisches, humanes oder Hefe-Zellsystem ist.
19. Ein Verfahren zur Herstellung eines Polypeptids oder eines Fragments, dadurch gekennzeichnet, daß die Wirtszellen gemäß den Ansprüchen 16 bis 18 kultiviert werden.
20. Ein Antikörper, der gegen ein Polypeptid oder ein Fragment gerichtet ist, welches von den Nukleinsäuren-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 kodiert wird, das gemäß Anspruch 19 erhältlich ist.
21. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er monoklonal ist.

# DE 198 18 620 A 1

22. Ein Antikörper gemäß Anspruch 20, dadurch gekennzeichnet, daß er ein Phage-Display-Antikörper ist.  
23. Polypeptid-Teilsequenzen, gemäß den Sequenzen Seq. ID Nos. ORF 128–390.  
24. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 80%iger Homologie zu diesen Sequenzen.  
25. Ein aus einem Phage-Display hervorgegangenen Polypeptid, welches an die Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 24 binden kann. 5  
26. Polypeptid-Teilsequenzen gemäß Anspruch 22, mit mindestens 90%iger Homologie zu diesen Sequenzen.  
27. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 128–390, als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor.  
28. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen gemäß den Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 zur Expression von Polypeptiden, die als Tools zum Auffinden von Wirkstoffen gegen den Blasentumor verwendet werden können. 10  
29. Verwendung der Nukleinsäure-Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127 in sense oder antisense Form.  
30. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128–390 als Arzneimittel in der Gentherapie zur Behandlung des Blasentumors.  
31. Verwendung der Polypeptid-Teilsequenzen Seq. ID No. 128–390, zur Herstellung eines Arzneimittels zur Behandlung gegen den Blasentumor. 15  
32. Arzneimittel, enthaltend mindestens eine Polypeptid-Teilsequenz Seq. ID No. 128–390.  
33. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine genomische Sequenz ist.  
34. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 10, dadurch gekennzeichnet, daß es eine mRNA-Sequenz ist. 20  
35. Genomische Gene, ihre Promotoren, Enhancer, Silencer, Exonstruktur, Intronstruktur und deren Spleißvarianten, erhältlich aus den cDNAs der Sequenzen Seq. ID No. 1 bis Seq. ID No. 127.  
36. Verwendung der genomischen Gene gemäß Anspruch 33, zusammen mit geeigneten regulativen Elementen.  
37. Verwendung gemäß Anspruch 34, dadurch gekennzeichnet, daß das regulative Element ein geeigneter Promotor und/oder Enhancer ist. 25  
38. Eine Nukleinsäure-Sequenz gemäß den Ansprüchen 1 bis 7, dadurch gekennzeichnet, daß die Größe des Fragments eine Länge von mindestens 300 bis 3500 bp aufweist.

Hierzu 10 Seite(n) Zeichnungen

30

35

40

45

50

55

60

65

**- Leerseite -**

## Systematische Gen-Suche in der Incyte LifeSeq Datenbank

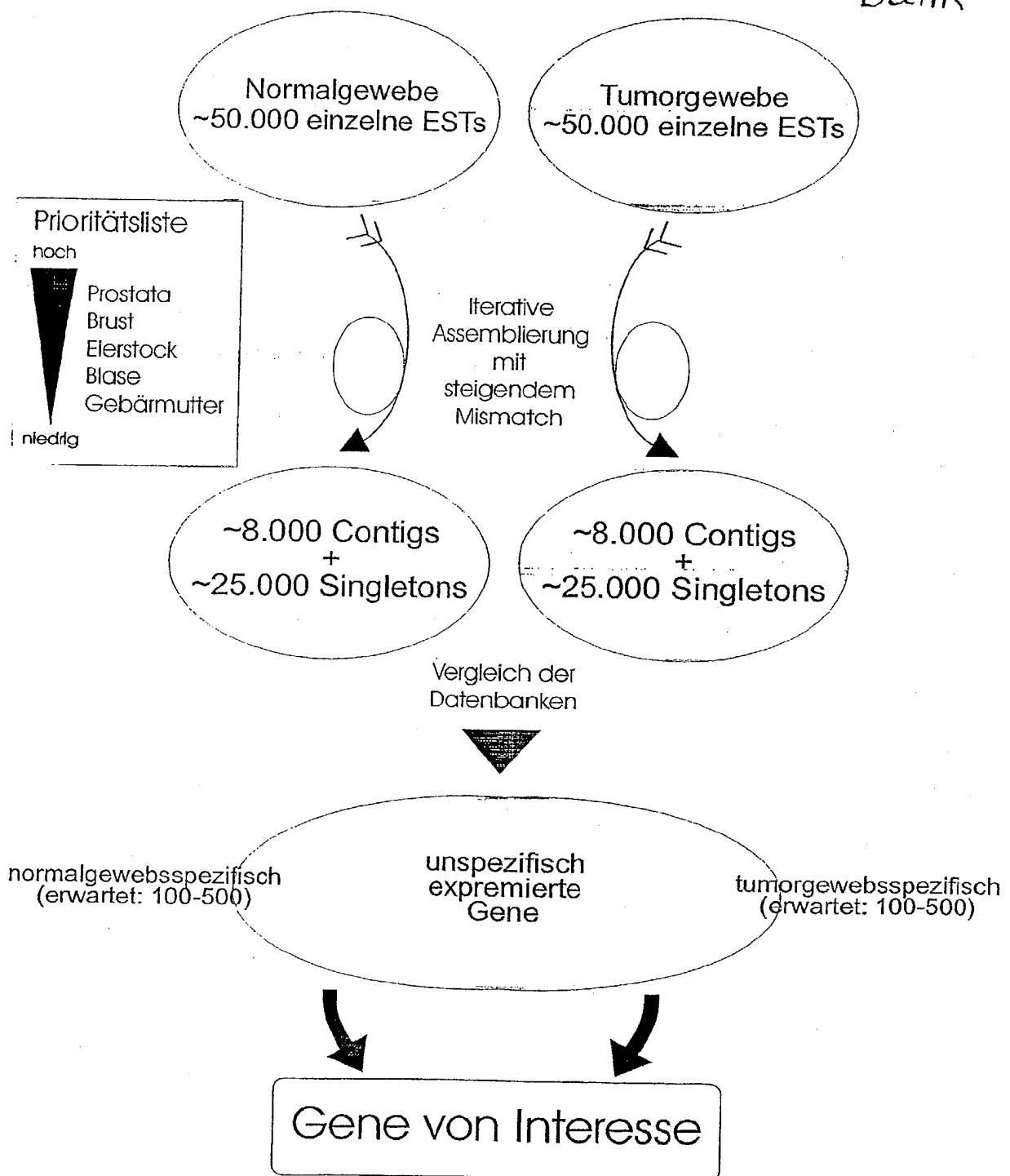


Fig. 1

## Prinzip der EST-Assemblierung

~50.000 ESTs pro Gewebe



Assemblierung bei 0% Mismatch  
mit GAP4 (Staden)



Contigs

Singletons

In Anzahl und Länge  
zunehmende Contigs



Iterative Assemblierung  
mit steigendem  
Mismatch (1%, 2%, 4%)

5000-6000 Contigs ~25.000 übrige Singletons



~30.000 Konsensus-  
sequenzen pro Gewebe

Fig. 2a

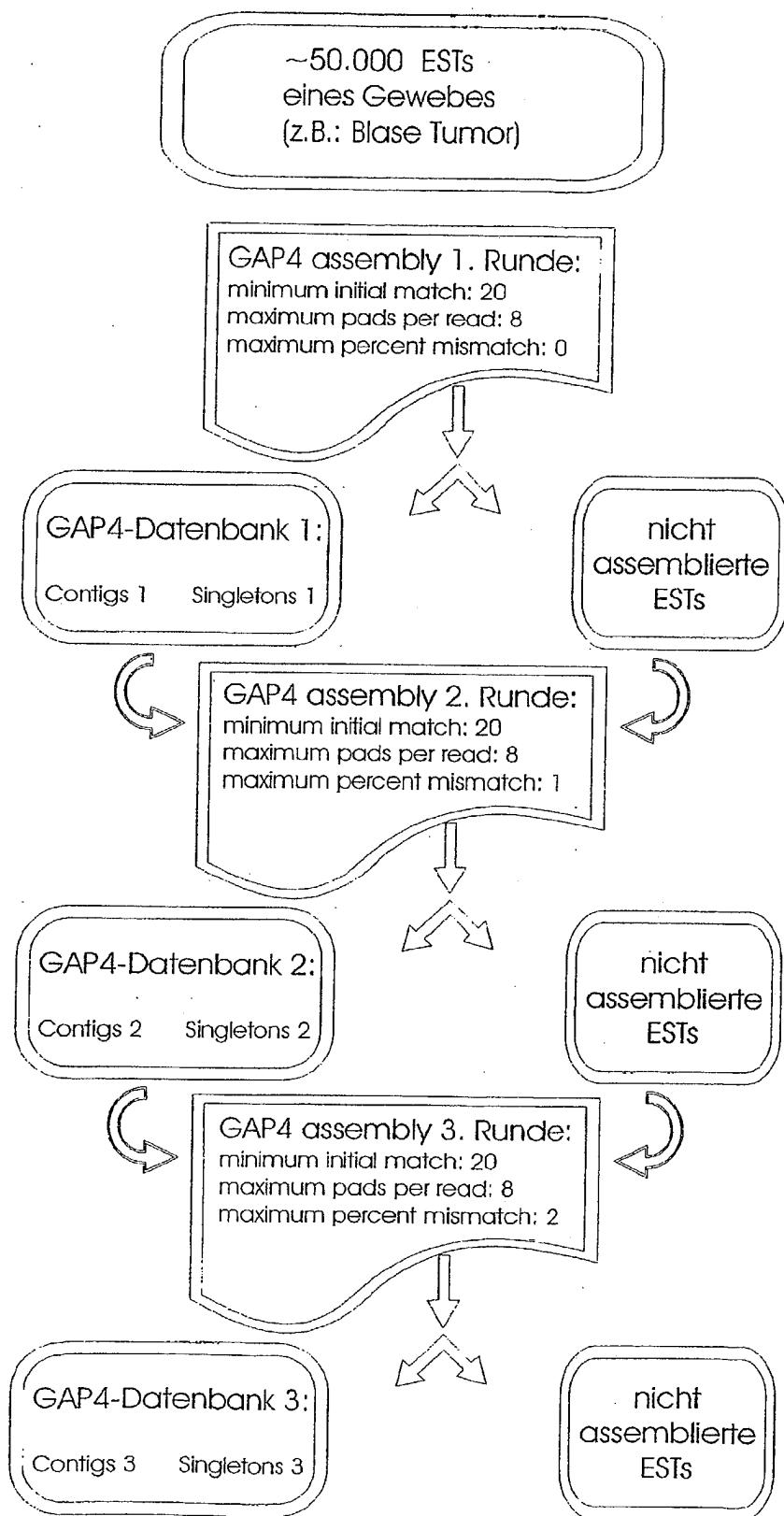


Fig. 2b1

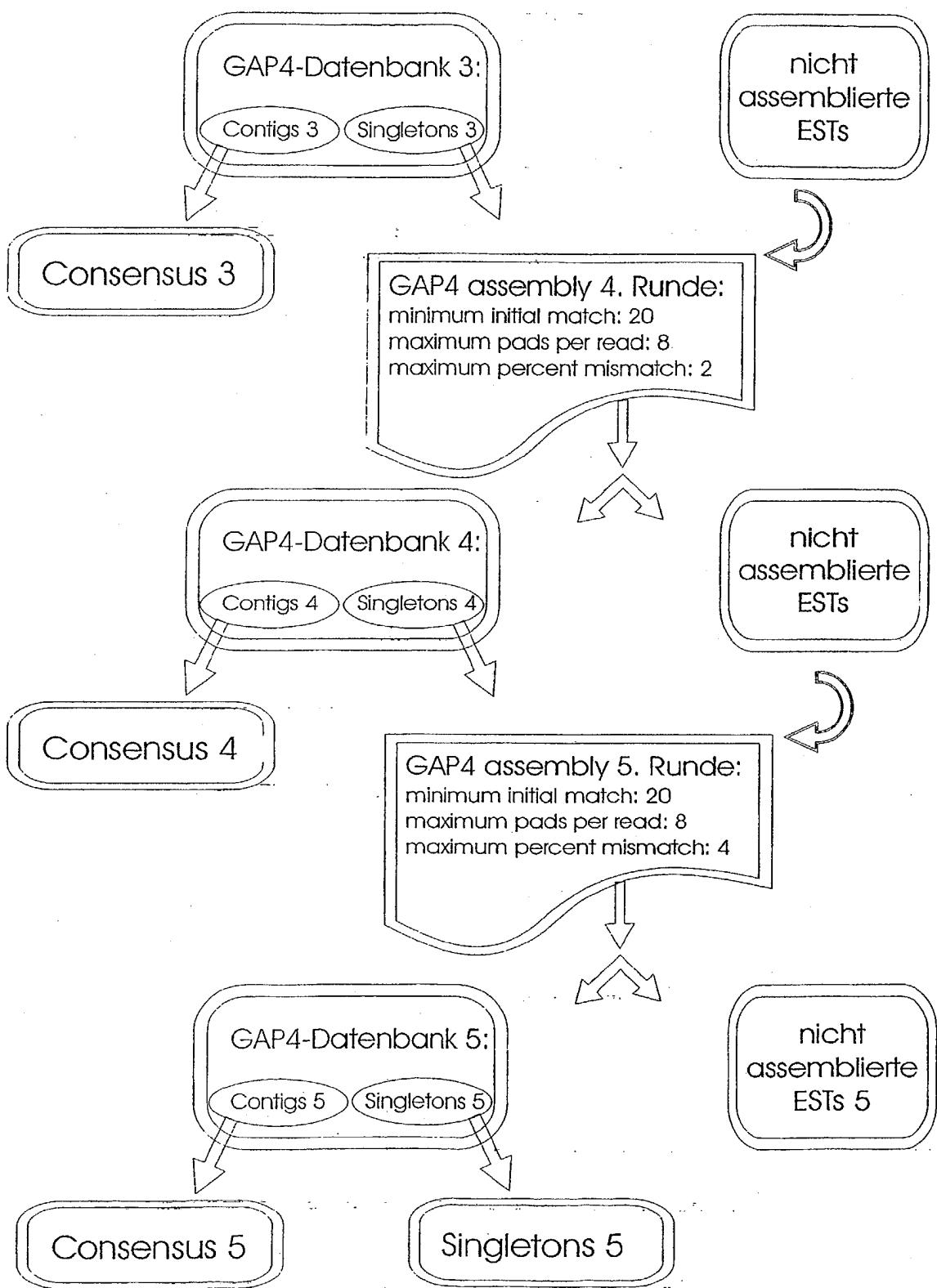


Fig. 2b2

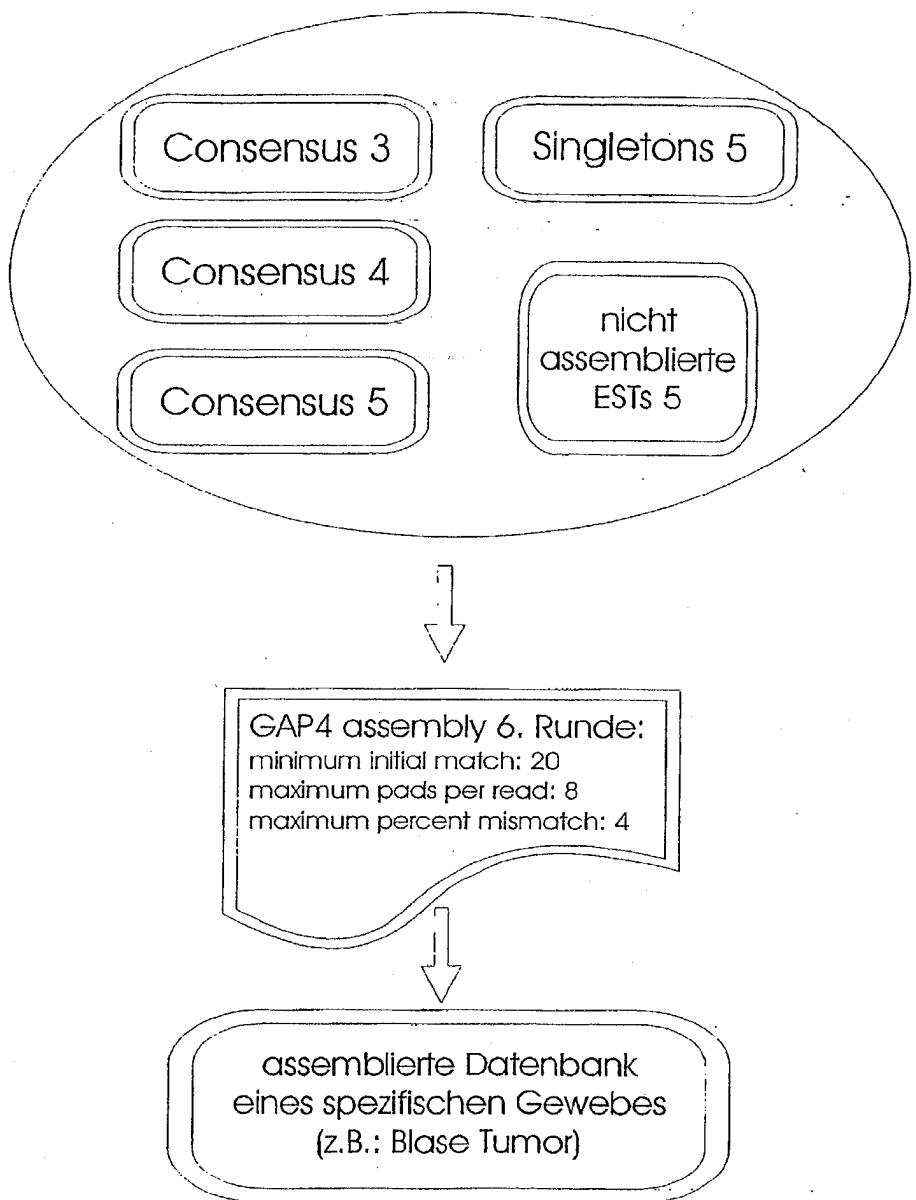


Fig. 2b3

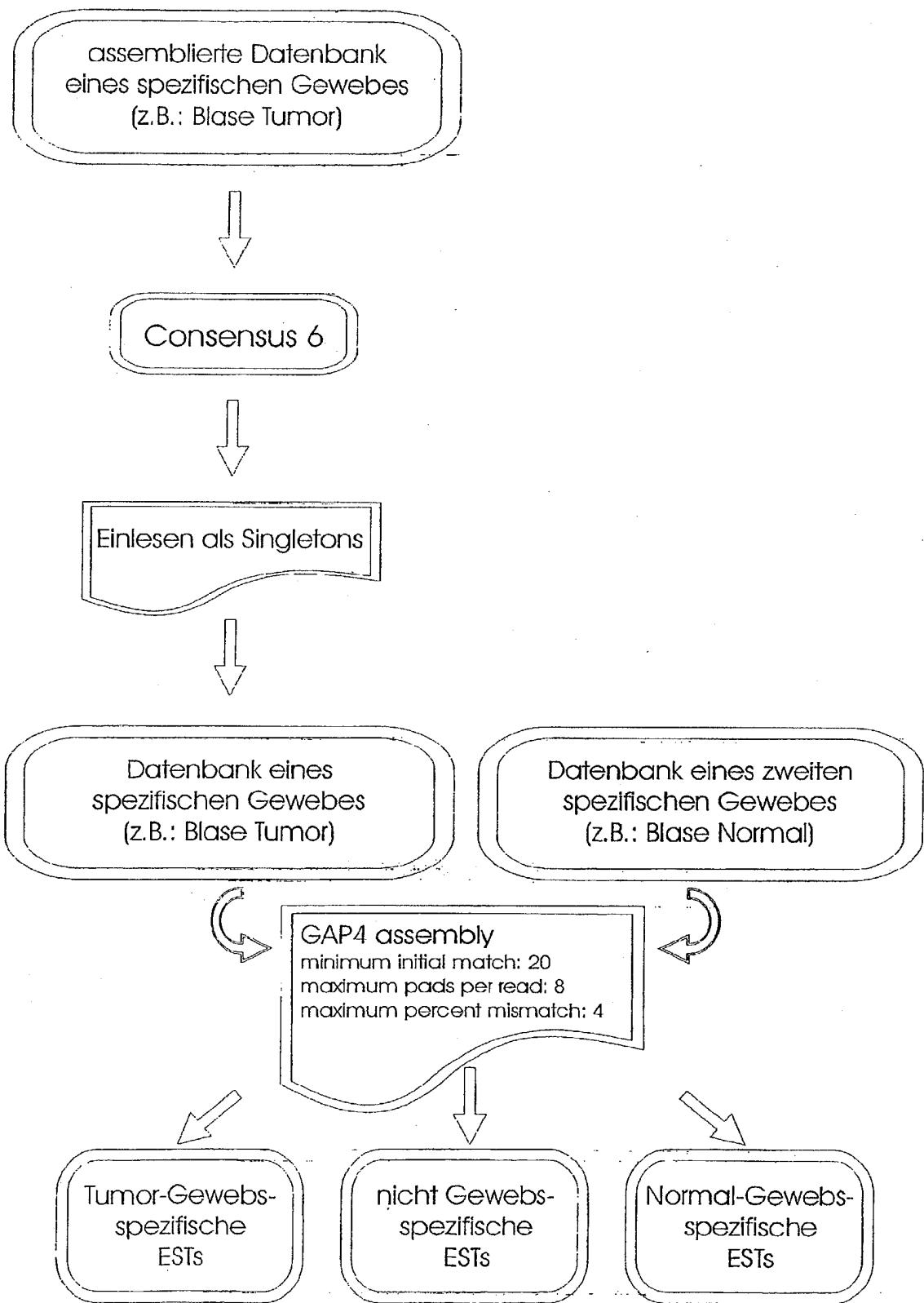


Fig. 2b4

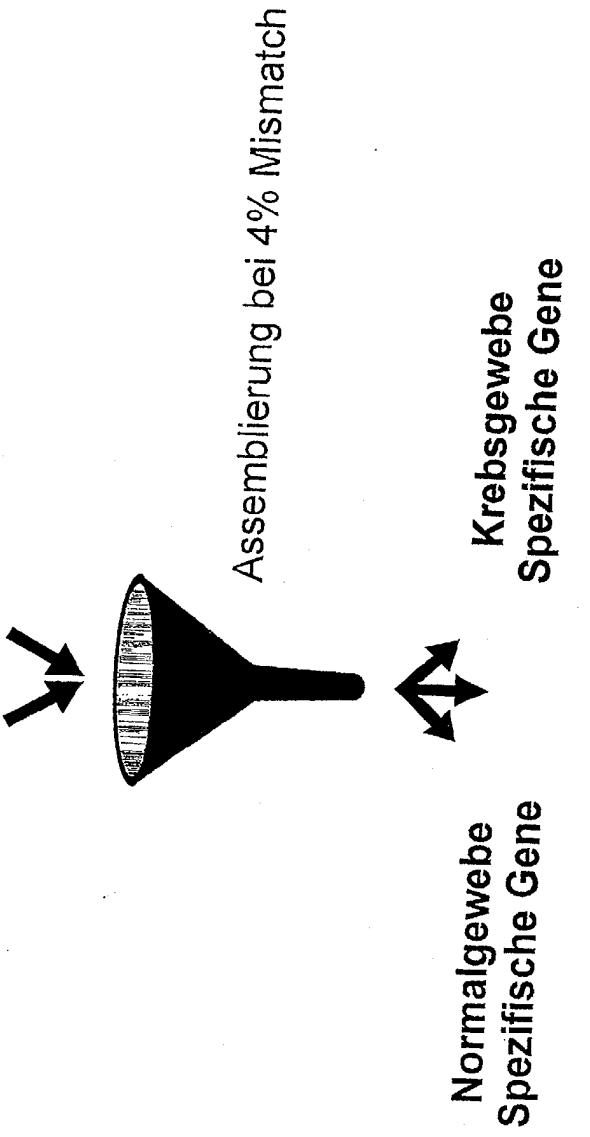
Nummer:  
Int. Cl.<sup>6</sup>:  
Offenlegungstag:

**DE 198 18 620 A1**  
**C 07 K 16/00**  
28. Oktober 1999

## In silico Subtraktion der Genexpression in verschiedenen Geweben

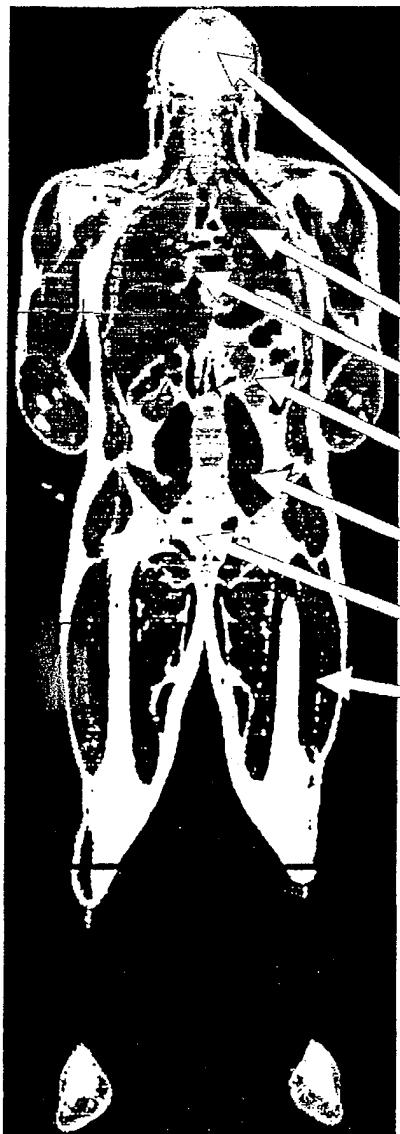
~30.000 Konsensussequenzen  
Normalgewebe

~30.000 Konsensussequenzen  
Krebsgewebe



In beiden Geweben  
exprimierte Gene

Fig. 3



Gene von Interesse

Bestimmung der  
gewebsspezifischen  
Expression über  
elektronischen Northern  
( INCYTE LifeSeq und  
öffentliche EST  
Datenbanken)

Kandidatengene für  
Tumorsuppressoren oder  
Tumoraktivatoren

Fig. 4a

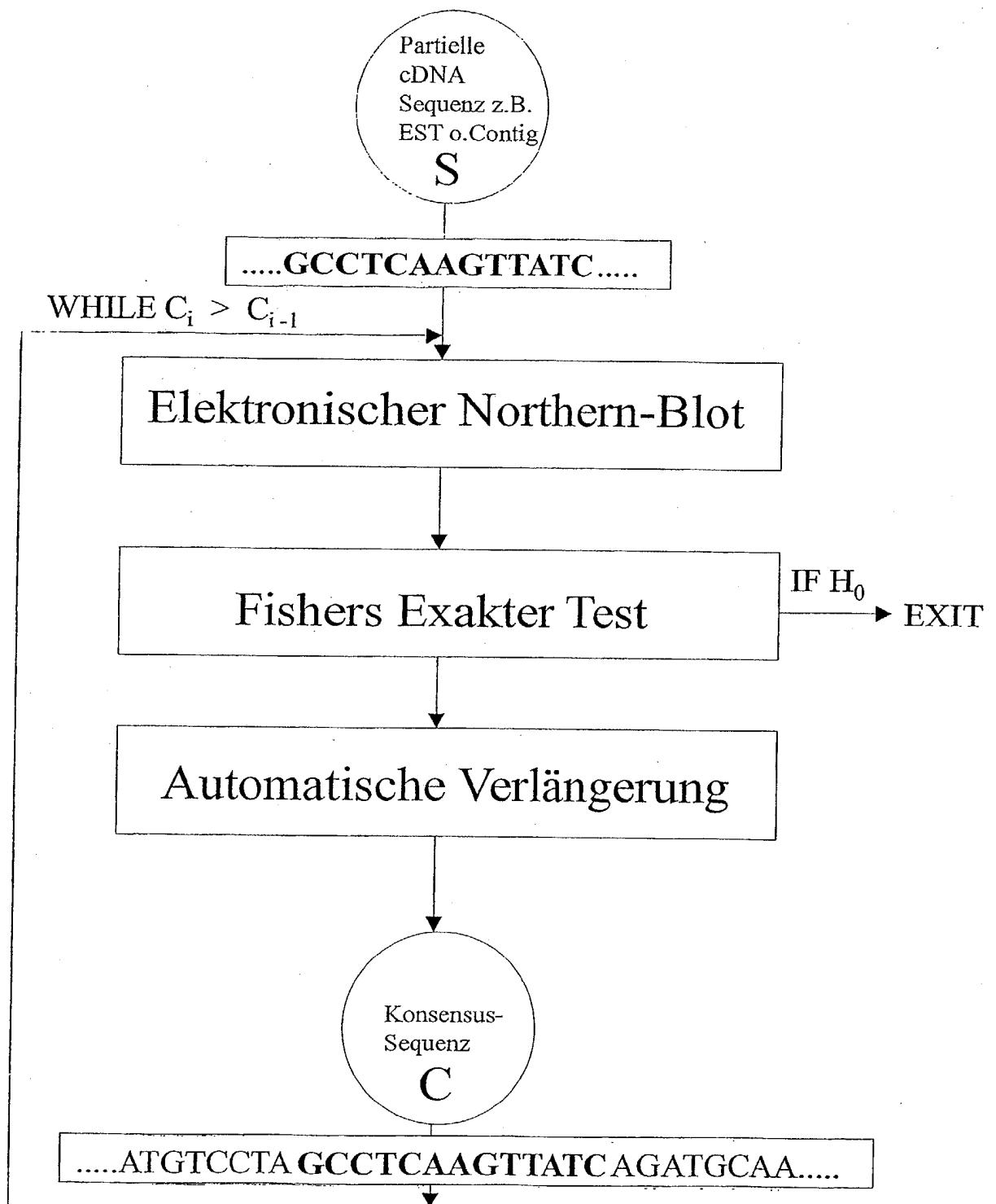


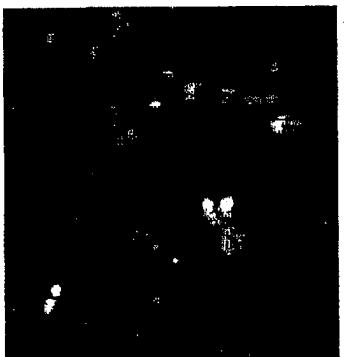
Fig. 4b

## Isolieren von genomischen BAC und PAC Klonen

## Chromosomal Klon-Lokalisation über FISH



Hybridisierungssignal



Sequenzierung von Klonen, die in Regionen lokalisiert sind, die chromosomal Deletionen in Prostata- und Brustkrebs aufweisen, führt zur Identifizierung von Kandidatengenen



Bestätigung der Kandidatengene durch Screening von Mutationen und/oder Deletionen in Krebsgeweben

Fig. 5